

TESIS DE DOCTORADO

MEJORA GENÉTICA DE MAÍZ PARA SENESCENCIA RETRASADA “STAY GREEN”

Marlon Brainer Caicedo Villafuerte

ESCUELA DE DOCTORADO EN CIENCIAS

PROGRAMA DE DOCTORADO EN CIENCIAS AGRÍCOLAS Y MEDIOAMBIENTALES

SANTIAGO DE COMPOSTELA / LUGO

2018





DECLARACIÓN DEL AUTOR DE LA TESIS

MEJORA GENÉTICA DE MAÍZ PARA SENESCENCIA RETRASADA "STAY GREEN"

D. Marlon Brainer Caicedo Villafuerte

Presento mi tesis, siguiendo el procedimiento adecuado al Reglamento, y declaro que:

- 1) La tesis abarca los resultados de la elaboración de mi trabajo.*
- 2) En su caso, en la tesis se hace referencia a las colaboraciones que tuvo este trabajo.*
- 3) La tesis es la versión definitiva presentada para su defensa y coincide con la versión enviada en formato electrónico.*
- 4) Confirmando que la tesis no incurre en ningún tipo de plagio de otros autores ni de trabajos presentados por mí para la obtención de otros títulos.*

En Pontevedra, 20 de abril de 2018

Asdo. Marlon Brainer Caicedo Villafuerte





AUTORIZACIÓN DEL DIRECTOR / TUTOR DE LA TESIS

MEJORA GENÉTICA DE MAÍZ PARA SENESCENCIA RETRASADA
"STAY GREEN"

D. Bernardo Ordás López (director)

Dña. Margarita Lema Márquez (directora)

D. Antonio Rigueiro (tutor)

INFORMAN:

Que la presente tesis, corresponde con el trabajo realizado por D. Marlon Brainer Caicedo Villafuerte, bajo nuestra dirección, y autorizamos su presentación, considerando que reúne los requisitos exigidos en el Reglamento de Estudios de Doctorado de la USC, y que como directores de ésta no incurre en las causas de abstención establecidas en Ley 40/2015.

En Pontevedra, 20 de abril de 2018

Asdo. Bernardo Ordás López

Asdo. Margarita Lema Márquez

Asdo. Antonio Rigueiro





*A mi esposa María Fernanda Barrera, a
mis hijos Leslie Dennise, Brainer Alexis,
Marlon Aldair y mi pequeño Etan.*



AGRADECIMIENTOS

Expreso mi sincero agradecimiento al Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) de Ecuador, por haberme concedido la oportunidad y el financiamiento para la realización de mis estudios de doctorado. De igual forma, mi eterna gratitud a las autoridades del INIAP, especialmente al comité de becas por el apoyo brindado en la obtención de esta anhelada meta.

Un agradecimiento profundo a mis directores, Dr. Bernardo Ordás y Dra. Margarita Lema, por brindarme la oportunidad de realizar este trabajo, por su predisposición y esmero durante toda mi formación. Además, por su amistad y apoyo demostrado tanto en el ámbito profesional como personal.

Quiero expresar de manera especial mi reconocimiento a la Dra. Rosa Ana Malvar, por su apoyo incondicional en la ejecución de este trabajo, especialmente en el análisis de mapeo de asociación; también, por su paciencia y la gran amistad demostrada hacia mi persona.

Agradezco al resto de científicos del grupo de maíces, los doctores Amando Ordás, Pedro Revilla, Ana Butrón, Rogelio Santiago, Lorena Álvarez y María de la Fuente, quienes de una u otra manera aclararon mis dudas, aportaron su contingente para que esta investigación llegue a su fin y, por supuesto, su amistad, demostrando siempre gran calidad de gente.

Agradecer infinitamente a la técnica Rocío Campaño por haber hecho posible el desarrollo de cada actividad realizada en esta investigación y por los gratos momentos compartidos especialmente en la toma de datos en campo. Al personal técnico: Beatriz Lago, Ana Carballeda y Merchy Martínez, un rotundo “gracias”, por su ayuda en la fase experimental y de laboratorio; además, por la amistad brindada durante todo este tiempo. Agradecer también a mis amigas y compañeras técnicas del denominado grupo “stay green y alemán” María Sol Campaño, Nuria López y Nadia Chibane, quienes, aunque no participaron directamente en la investigación, siempre demostraron una gran amistad dentro y fuera de lo laboral.

Gracias a todo el personal de campo, quienes contribuyeron en diferentes etapas de la fase experimental de la investigación, e hicieron posible el desarrollo de las principales actividades agrícolas planificadas, sin su apoyo no hubiera sido posible sacar adelante los ensayos en el campo.

Al Dr. Mario García de Lacoba, responsable del Servicio de Bioinformática y Bioestadística del Centro de Investigaciones Biológicas de Madrid (CIB), por haberme dado la oportunidad de realizar una estancia académica en su grupo. Asimismo, quiero agradecer al Dr. Guillermo Padilla por su colaboración en los análisis de expresión diferencial de genes, por los conocimientos compartidos y su buena disposición en la resolución de dudas, durante mi capacitación.

Agradezco de manera muy especial a la Misión Biológica de Galicia del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), al proyecto “Mejora genética de la sostenibilidad y el valor añadido en maíz”, AGL2016-77628-R y al Fondo Europeo de Desarrollo Regional (Fondos FEDER) por financiar esta investigación.



CONTENIDO

| | | |
|----------|--|-----------|
| 1 | INTRODUCCIÓN..... | 3 |
| 1.1 | EL MAÍZ..... | 3 |
| 1.1.1 | Importancia y estadísticas generales..... | 3 |
| 1.1.2 | Evolución del cultivo de maíz | 3 |
| 1.1.3 | Maíz templado frente a maíz tropical | 4 |
| 1.2 | LA SENESCENCIA EN LAS PLANTAS | 5 |
| 1.2.1 | Importancia del stay green y su relación con el llenado del grano..... | 5 |
| 1.2.2 | Tipos de stay green | 6 |
| 1.2.3 | Caracteres relacionados con stay green | 6 |
| 1.2.4 | Estimación del carácter stay green | 7 |
| 1.3 | ESTUDIOS GENÉTICOS RELACIONADOS AL CARÁCTER STAY GREEN | 9 |
| 1.3.1 | Poblaciones de mapeo | 9 |
| 1.3.2 | Mapeo de QTL relacionados al carácter SG..... | 10 |
| 1.3.3 | Expresión génica..... | 11 |
| 1.3.4 | Estudios de expresión génica relacionadas al carácter SG usando la tecnología RNA-Seq..... | 12 |
| 1.4 | JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN | 13 |
| 2 | OBJETIVOS..... | 17 |
| 2.1 | Objetivo general | 17 |
| 2.2 | Objetivos específicos..... | 17 |
| 3 | MATERIALES Y MÉTODOS..... | 21 |
| 3.1 | ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA SENESCENCIA | 21 |
| 3.1.1 | Material vegetal | 21 |
| 3.1.2 | Datos fenotípicos | 24 |
| 3.1.3 | Análisis estadístico | 26 |
| 3.2 | MAPEO DE QTL ASOCIADOS A LA SENESCENCIA EN UNA POBLACIÓN MULTIPARENTAL | 27 |
| 3.2.1 | Material vegetal | 27 |
| 3.2.2 | Datos fenotípicos | 28 |
| 3.2.3 | Datos genotípicos | 28 |
| 3.2.4 | Análisis estadísticos de datos fenotípicos..... | 29 |
| 3.2.5 | Análisis de asociación | 29 |
| 3.2.6 | Construcción de la matriz de parentesco genético..... | 29 |

| | | |
|----------|---|-----------|
| 3.2.7 | Umbral de significancia | 30 |
| 3.2.8 | Desequilibrio de ligamiento, selección de genes candidatos y cálculo de efectos aditivos de los haplotipos..... | 30 |
| 3.3 | ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DE LÍNEAS PURAS DE MAÍZ DURANTE LA SENESCENCIA | 30 |
| 3.3.1 | Material vegetal..... | 30 |
| 3.3.2 | Datos fenotípicos..... | 31 |
| 3.3.3 | Extracción y secuenciación de RNA..... | 31 |
| 3.3.4 | Análisis de datos de RNA-Seq sobre múltiples momentos e identificación de genes diferencialmente expresados | 32 |
| 3.3.5 | Ontología de genes y análisis de enriquecimiento de rutas | 33 |
| 3.3.6 | Predicción de factores de transcripción | 33 |
| 3.3.7 | Análisis de motivos..... | 33 |
| 3.3.8 | Predicción de parejas de factores de transcripción y sitios de unión de factores de transcripción..... | 34 |
| 3.3.9 | Validación de genes mediante la prueba PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR)..... | 34 |
| 4 | RESULTADOS | 39 |
| 4.1 | ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA SENESCENCIA | 39 |
| 4.1.1 | Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia precoz..... | 39 |
| 4.1.2 | Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia media..... | 43 |
| 4.1.3 | Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia tardía..... | 51 |
| 4.1.4 | Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia muy tardía..... | 59 |
| 4.2 | MAPEO DE QTL ASOCIADOS A LA SENESCENCIA EN UNA POBLACIÓN MULTIPARENTAL | 63 |
| 4.2.1 | Análisis estadístico de datos fenotípicos..... | 63 |
| 4.2.2 | Análisis de correlación..... | 65 |
| 4.2.3 | SNP significativos asociados al índice de clorofila | 67 |
| 4.2.4 | Haplotipos del QTL para los SNP significativos asociados al índice de clorofila | 69 |

| | | |
|----------|--|------------|
| 4.2.5 | Genes candidatos por cada SNP significativo importante asociado al índice de clorofila | 74 |
| 4.2.6 | SNP significativos asociados a la fluorescencia clorofílica mínima | 76 |
| 4.2.7 | SNP significativos asociados al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II | 78 |
| 4.2.8 | Haplotipos del QTL para los SNP significativos asociados al máximo rendimiento cuántico del fotosistema II | 80 |
| 4.2.9 | Genes candidatos para el SNP significativo asociado al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II | 82 |
| 4.2.10 | SNP significativos asociados al aspecto visual de la planta..... | 82 |
| 4.2.11 | Haplotipos del QTL para los SNP significativos asociados al aspecto visual de la planta | 84 |
| 4.2.12 | Genes candidatos por SNP significativamente importante asociado al aspecto de planta..... | 87 |
| 4.2.13 | SNP significativos asociados a la disminución diaria del índice de clorofila..... | 87 |
| 4.2.14 | SNP significativos asociados a la disminución diaria de la fluorescencia clorofílica mínima..... | 88 |
| 4.2.15 | SNP significativos asociados a la disminución diaria del rendimiento cuántico máximo del fotosistema II | 89 |
| 4.2.16 | SNP significativos asociados a la disminución diaria del aspecto visual de la planta | 90 |
| 4.3 | ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DE LÍNEAS PURAS DE MAÍZ DURANTE LA SENESCENCIA | 91 |
| 4.3.1 | Evaluación fenotípica de la senescencia..... | 91 |
| 4.3.2 | Identificación de genes diferencialmente expresados (GDEs) sobre múltiples puntos de tiempo..... | 94 |
| 4.3.3 | Ontología de genes y análisis de enriquecimiento de rutas | 96 |
| 4.3.4 | Predicción de factores de transcripción (TFs) | 101 |
| 4.3.5 | Análisis de motivos | 107 |
| 4.3.6 | Predicción de parejas de factores de transcripción-sitios de unión de factores de transcripción (TF-TFBS)..... | 108 |
| 4.3.7 | Validación de genes mediante la prueba de PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR) | 111 |
| 5 | DISCUSIÓN..... | 115 |
| 5.1 | ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA SENESCENCIA | 115 |
| 5.2 | MAPEO DE QTL ASOCIADOS A LA SENESCENCIA EN UNA POBLACIÓN MULTIPARENTAL | 117 |

| | | |
|-------|--|-----|
| 5.3 | ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DE LÍNEAS PURAS DE MAÍZ DURANTE LA SENESCENCIA | 119 |
| 5.3.1 | Caracteres fenotípicos relacionados con la senescencia | 119 |
| 5.3.2 | Análisis comparativo de los GDEs con respecto a estudios previos..... | 119 |
| 5.3.3 | Dinámica transcripcional, genes co-regulados y genes afines durante la senescencia de líneas puras de maíz..... | 121 |
| 6 | CONCLUSIONES | 129 |
| 7 | BIBLIOGRAFÍA | 133 |
| 8 | ANEXOS..... | 151 |



RESUMEN

La senescencia retrasada o “Stay Green” (SG) es un carácter deseable para la producción de los cultivos y está asociado con la producción de biomasa, resistencia al encamado y rendimiento de grano. Además, es probable que esté correlacionado con la tolerancia a bajo nitrógeno (N); sin embargo, no existe mucha información al respecto en el cultivo de maíz. Tanto los estudios fisiológicos como los estudios genéticos sobre senescencia se han realizado en un escaso número de genotipos, obteniéndose conclusiones parciales. Por tanto, esta investigación profundizó en los mecanismos genéticos y fisiológicos relacionados con la senescencia en maíz, para lo cual se propuso como principal objetivo el estudio a nivel fisiológico y genético de la senescencia en maíz templado. Para cumplir con este objetivo se realizaron tres experimentos por separado. El primero, consistió en la caracterización multiambiental de la senescencia en líneas élite de diferente precocidad, para caracteres fisiológicos y agronómicos relacionados con el proceso de senescencia y el rendimiento de grano y biomasa. En el segundo, se detectaron QTL asociados a la senescencia mediante mapeo de asociación en una población multiparental (MAGIC); y, en el tercero se detectaron genes relacionados con la senescencia, mediante el estudio de la expresión génica de líneas puras de maíz.

De acuerdo con los resultados obtenidos en el primer estudio, se concluyó que la duración de la actividad fotosintética varió entre líneas y el SG funcional fue el tipo predominante en las líneas puras de maíz templado. Además, la mayor duración de la actividad fotosintética reveló incrementos en el rendimiento de grano y biomasa, así como también, en la duración del llenado de grano y en la humedad del grano y biomasa.

Los resultados del mapeo de asociación en la población multiparental revelaron que el carácter SG está controlado por múltiples genes de efecto menor y que el gen Zm00001d043586 fue particularmente importante, ya que explica las diferentes velocidades a las que sucede la senescencia.

El estudio de la expresión génica, reveló que a nivel transcriptómico, hay una extensa red de genes que interactúan conjuntamente, los cuales están activando, reprimiendo y/o produciendo sinergismo o antagonismo en las diferentes funciones en las que están involucrados, durante la etapa de la senescencia. Se identificaron 1083 genes que aumentan (*up regulated*) y 588 genes que disminuyen (*down regulated*) su expresión durante la senescencia en todas las líneas evaluadas. Los genes *down regulated*, estuvieron involucrados principalmente en la fotosíntesis, mientras que, los genes *up regulated* estuvieron relacionados con procesos catabólicos. Además, un subconjunto de 196 genes diferencialmente expresados codificó para factores de transcripción y algunos de ellos son homólogos a factores de transcripción encontrados en *Arabidopsis*.

Desde el ámbito de la mejora de cultivos, se llegó a la conclusión de que mediante la modificación del tiempo de senescencia se podría mejorar la producción de grano, forraje y/o bioenergía. Mientras que, a nivel molecular existen genes claves involucrados en el proceso de senescencia que podrían ser utilizados para aumentar la eficacia de la mejora vegetal.



RESUMO

A senescencia retrasada ou “Stay Green” (SG) é un carácter desexable para a produción dos cultivos e está asociado coa produción de biomasa, resistencia o encamamento e rendemento do gran. Ademais, é probable que estea correlacionado coa tolerancia a baixo nitróxeno (N); sen embargo, non existe moita información ao respecto no cultivo do millo. Tanto os estudos fisiolóxicos coma os estudos xenéticos sobre senescencia realizáronse nun número baixo de xenotipos, obténdose conclusións parciais. Polo tanto, esta investigación profundou nos mecanismos xenéticos e fisiolóxicos relacionados coa senescencia no millo, para o cal propúxose como principal obxectivo o estudo, a nivel fisiolóxico e xenético, da senescencia no millo temperado. Para cumprir con este obxectivo realizáronse tres experimentos por separado. O primeiro, consistiu na caracterización multiambiental da senescencia en liñas elite de diferente precocidade, para caracteres fisiolóxicos e agronómicos relacionados co proceso da senescencia e o rendemento do gran e biomasa. No segundo, detectáronse QTL asociados a senescencia mediante mapeo de asociación nunha poboación multiparental (MAGIC); e, no terceiro detectáronse xenes relacionados coa senescencia, mediante o estudo da expresión xénica de liñas puras de millo.

Segundo isto os resultados obtidos no primeiro estudo, conclúese que a duración da actividade fotosintética variou entre liñas e o SG funcional foi o tipo predominante nas liñas puras de millo temperado. Xunto con isto, a maior duración da actividade fotosintética revelou incrementos no rendemento do gran e biomasa, así como tamén, na duración do enchido do gran e na humidade do gran e biomasa.

Os resultados do mapeo de asociación na poboación multiparental, revelaron que o carácter SG está controlado por múltiples xenes de efecto menor e que o xen Zm00001d043586 foi particularmente importante, xa que explica as diferentes velocidades ás que acontece a senescencia.

O estudo da expresión xénica, revelou que a nivel transcriptómico, hai una extensa rede de xenes que interactúan conxuntamente, os cales están activando, reprimindo e/ou producindo sinerxía ou antagonismo nas diferentes funcións nas que están involucrados, durante a etapa da senescencia. Identificáronse 1083 xenes que aumentan (*up regulated*) e 588 xenes que diminúen (*down regulated*) a súa expresión durante a senescencia en todas as liñas avaliadas. Os xenes *down regulated*, estiveron involucrados principalmente na fotosíntese, mentres que, os xenes *up regulated* relacionáronse cos procesos catabólicos. Ademais, un subconxunto de 196 xenes expresados de xeito diferencial codificou para factores de transcrición e algún deles son homólogos a factores de transcrición encontrados en *Arabidopsis*.

Dende o campo da mellora de cultivos, chegouse a conclusión que mediante a modificación do tempo de senescencia poderíase mellorar a produción do gran, forraxe e/ou bioenerxía. Mentres que a nivel molecular existen xenes claves involucrados no proceso de senescencia que poderían ser utilizados para aumentar a eficacia da mellora vexetal.



ABSTRACT

Delayed senescence or "Stay Green" (SG) is a desirable trait for crop production and it is associated with biomass production, lodging resistance, and grain yield. In addition, it is probably correlated with low nitrogen (N) tolerance; however, there is not much information about this in maize. Both physiological and genetic studies about senescence have been conducted in a small number of genotypes, resulting in partial conclusions. Therefore, this investigation deepened, in the genetic and physiological mechanisms related to senescence in maize, for what we proposed as main objective: to study at the physiological and genetic levels the senescence in temperate maize. In order to achieve this objective, three separate experiments were carried out. The first consisted in the multi-environmental characterization of senescence in elite lines of different precocity, for physiological and agronomic traits related to the senescence process, as well as, grain and biomass yield. In the second, QTL associated with senescence was detected by association mapping in a multi-parent population (MAGIC); and, in the third, genes related to senescence were detected, through the study of gene expression in maize inbred lines.

According to the results obtained in the first study, it was concluded that the duration of the photosynthetic activity varied between lines and the functional SG was the predominant type in the temperate maize inbred lines. Additionally, the longest duration of the photosynthetic activity revealed increases in the grain and biomass yield, duration of the grain filling and in the grain moisture and biomass.

The results of association mapping in the multi-parent population revealed that SG trait is controlled by multiple genes of minor effect and that the gene Zm00001d043586 was particularly important since it explains the different rhythms of speed with which senescence occurs.

The gene expression study, revealed that at transcriptomic level, there is an extensive genes' network that interact together, which are activating, repressing and/or producing synergism or antagonism in the different functions in which they are involved, during the senescence stage. We identified 1083 genes that increase (*up regulated*) and 588 genes that decrease (*down regulated*) their expression during senescence in all lines evaluated. *Down regulated* genes were mainly involved in photosynthesis, while the *up regulated* genes were related to catabolic processes. In addition, a subset of 196 differentially expressed genes codified for transcription factors and some of them are homologous to transcription factors found in Arabidopsis.

From the ambit of crop breeding, it was concluded that by modifying the time of senescence the grain, forage and/or bioenergy production could be improved. While at the molecular level there are key genes involved in the senescence process that could be used to increase the plant breeding effectiveness.





INTRODUCCIÓN



1 INTRODUCCIÓN

1.1 EL MAÍZ

1.1.1 Importancia y estadísticas generales

El incremento de la demanda global de alimentos y energía por parte de la población mundial, son dos de los retos principales a los que el mundo enfrenta actualmente, por lo que es imperativo mejorar los sistemas de producción agrícola para satisfacer dichas necesidades. El maíz (*Zea mays* L.) es un cultivo de gran importancia económica a nivel mundial ya que es utilizado como alimento humano, como alimento para el ganado o como fuente de un gran número de productos industriales y farmacéuticos (Paliwal *et al.*, 2001), y junto con el trigo y el arroz son fuentes importantes de calorías (Shiferaw *et al.*, 2011).

A medida que la producción de energía y combustible a partir del uso de la biomasa vegetal adquirieron relevancia, el maíz también incrementó su importancia, debido a que este cultivo podría ser considerado de doble propósito ya que puede ser utilizado como grano para la alimentación humana y/o animal, mientras que sus residuos vegetales serían usados como materia prima para generar calor y/o electricidad (quemados directamente) o ser fermentados para producir biocombustible (Caicedo *et al.*, 2016).

En el 2016, el área cosechada de maíz grano a nivel mundial, fue de 188 millones de hectáreas y la producción de grano fue aproximadamente 1060 millones de toneladas, superando ampliamente las cantidades producidas de trigo y arroz (749 y 741 millones de toneladas, respectivamente). En el mismo período, los principales países productores de este cereal en el mundo fueron Estados Unidos de América, China, Brasil, Argentina y México con una producción total de 384, 231, 64, 39 y 28 millones de toneladas, respectivamente (FAOSTAT, 2018).

1.1.2 Evolución del cultivo de maíz

Tras la domesticación del maíz, los agricultores y/o mejoradores del cultivo usaron variedades de polinización abierta (OPV, por sus siglas en inglés *Open Pollinated Varieties*) y practicaron básicamente selección masal. La selección masal, hace referencia a la selección de las mejores mazorcas provenientes de las mejores plantas dentro de una población o variedad de polinización abierta. Este método practicado hasta finales de la década de los años 30, no fue eficiente para mejorar caracteres de baja heredabilidad como el rendimiento (Lee y Tracy, 2009). El promedio del rendimiento obtenido para este tipo de cultivares fue menor a 2000 kg · ha⁻¹ (Kutka, 2011; Troyer, 2009).

Desde 1939 hasta la actualidad, conocido como la era de los híbridos, los mejoradores de maíz han logrado resultados exitosos mediante mejora genética del rendimiento de grano (Lee y Tracy, 2009). Un claro ejemplo fue lo ocurrido en los Estados Unidos con maíz de zonas templadas, donde el rendimiento de grano aumentó casi 99 kg · ha⁻¹ · año⁻¹, incrementando la producción desde 1300 kg · ha⁻¹ obtenido en 1939 hasta 7800 kg · ha⁻¹ en 2005 (Lee y Tollenaar, 2007).

El desarrollo de híbridos de maíz es indudablemente una de las más refinadas y productivas innovaciones en el ámbito de la mejora vegetal (Troyer y Wellin, 2009), por lo que su utilización a nivel mundial es una práctica muy común, que ha venido desarrollándose y perfeccionándose para aumentar el rendimiento del cultivo por unidad de superficie en zonas tropicales y templadas.

Un eslabón importante para desarrollar híbridos de maíz es la obtención de líneas con alto grado de homocigosidad, debido a que el objetivo principal de cualquier programa de mejora enfocado en la obtención de híbridos es producir híbridos de cruzamientos simples involucrando líneas homocigóticas (líneas puras) como progenitores, con el objeto de explotar al máximo la heterosis y obtener híbridos superiores en producción y otras características (Dhliwayo *et al.*, 2009; Hallauer y Carena, 2009; Ordas *et al.*, 2007). La industria de semilla híbrida ha desarrollado a lo largo del tiempo múltiples líneas puras élite no relacionadas, diversas y provenientes de poblaciones de amplia base genética (Carena, 2005) y, en consecuencia, se han registrado varias de ellas como PHHB9 (Segebart, 1994), PHW79 (White y Trimble, 1994), LH290 (Geadelmann, 1998) y ZSO1172 (Carlone, 1998).

1.1.3 Maíz templado frente a maíz tropical

Aunque tanto el maíz templado como el maíz tropical han sido mejorados durante la era de los híbridos, es evidente que el maíz templado ha sido estudiado y mejorado en mayor medida. En las regiones templadas como la faja maicera de Estados Unidos, previo a la utilización y comercialización de los híbridos (período 1865-1930), los agricultores ya contaban con un número importante de variedades de polinización libre (Figura 1), tales como: “Leaming Corn”, “Reid Yellow Dent”, “Minnesota 13”, “Lancaster Sure Crop”, “Northwester Dent” e “Iodent”. Posteriormente, se formaron grupos heteróticos (*stiff stalk*, *no stiff stalk*, *Iodent*) (Mikel y Dudley, 2006), variedades sintéticas (*Iowa Stiff Stalk Synthetic*), líneas puras (Lu y Bernardo, 2001) e híbridos, utilizando como germoplasma base las variedades de polinización libre. Entre 1930 y 1960 se desarrollaron y cultivaron híbridos dobles (formados del cruzamiento entre cuatro líneas puras, Figura 1) y desde 1960 hasta la actualidad se han generado y cultivado híbridos simples e incluso híbridos genéticamente modificados (Troyer, 2004; 2009).

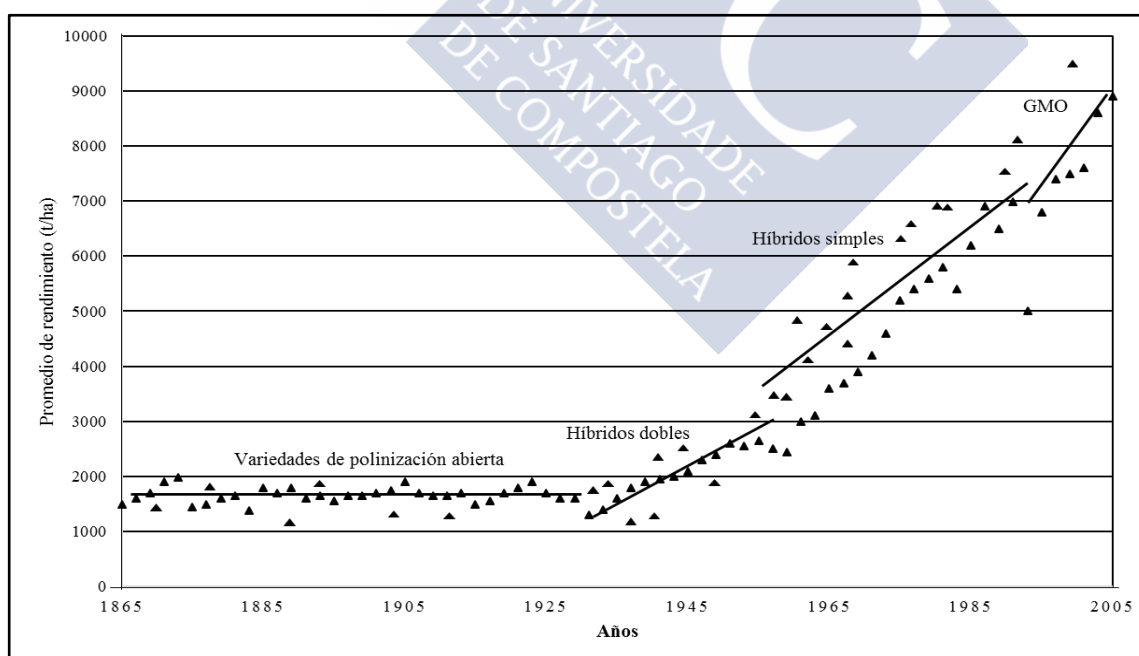


Gráfico 1.1 Evolución del rendimiento de maíz ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) en Estados Unidos de América (adaptado de Troyer, 2009).

Por el contrario, el maíz tropical ha sido menos explotado comercialmente. Sin embargo, el germoplasma tropical y subtropical se ha utilizado como nueva fuente de genes para mejorar el maíz templado y así ampliar la base genética de los híbridos comerciales modernos (Ortiz *et al.*, 2010; Yan *et al.*, 2009). Sin embargo, la mejora de maíz tropical usando germoplasma de maíz templado ha resultado difícil debido, principalmente, a su falta de adaptación y tolerancia a determinados insectos y enfermedades presentes en climas tropicales, además de su pobre calidad del grano (Goodman, 1999).

1.2 LA SENESCENCIA EN LAS PLANTAS

La senescencia es la fase final del desarrollo de los vegetales, por lo tanto, es un componente integral del ciclo de vida de la planta y es tan importante como la fase de crecimiento o maduración. Esta fase es observable en una amplia variedad de plantas y en diferentes partes de las mismas (hojas, pétalos, órganos reproductivos, raíces, corteza y semillas germinadas). El propósito primario de la senescencia es la movilización y reciclaje de nutrientes desde órganos vegetativos a órganos reproductivos, fenómeno que tiene enormes implicaciones tanto en el crecimiento del cultivo como en la producción de alimentos (Edwards *et al.*, 2012).

Durante el ciclo de vida, una hoja sufre al menos tres fases de desarrollo diferentes: una fase de incremento funcional en la etapa inicial del crecimiento, una fase de funcionalidad completa en la etapa de madurez y una fase de disminución funcional en la etapa de senescencia (Wu *et al.*, 2012).

Previo a la muerte de la hoja, en la senescencia ocurren numerosos cambios altamente sincronizados a nivel celular, orgánico y molecular (Ansari y Chen, 2011), dejando marcados síntomas como cambios visibles de color, reducción de la fotosíntesis (Kamara *et al.*, 2003), destrucción de los cloroplastos, degradación de RNA, DNA y proteínas; además, de la translocación de macro y micromoléculas a otras partes de la planta (Ougham *et al.*, 2008; Thomas y Smart, 1993).

Se sabe que el carbono, nitrógeno y otros nutrientes como el azufre e iones metálicos son transportados desde las hojas senescentes (Edwards *et al.*, 2012). El uso eficiente del nitrógeno será de vital importancia para la planta ya que su disponibilidad siempre ha sido un factor limitante para su desarrollo. Por otro lado, también es conocido que el rendimiento de grano de los cultivos depende del nitrógeno absorbido durante la etapa previa a la floración, para luego ser re-movilizado desde las hojas hasta el grano durante la etapa de llenado y maduración (Masclaux-Daubresse *et al.*, 2008), resaltando de esta forma la importancia de la fase senescente en las plantas cultivadas.

En maíz, la senescencia de las hojas está coordinada con la senescencia de toda la planta, que a su vez está influida por factores endógenos y ambientales (Combe y Escobar-Gutierrez, 2009). He *et al.* (2002) revelaron que existen dos tipos de senescencia, una precoz y una tardía. La senescencia precoz se refiere al deterioro de la calidad vegetal que afecta considerablemente a la calidad del grano y, por lo tanto, a la producción de los cereales (Jiang *et al.*, 2004). Por el contrario, la senescencia tardía es la denominación utilizada por los mejoradores de plantas para identificar a los genotipos stay green (SG).

1.2.1 Importancia del stay green y su relación con el llenado del grano

Stay green es un término general utilizado para denominar a aquellos genotipos con una senescencia foliar tardía heredable en comparación a un genotipo de referencia (Thomas y Howarth, 2000).

Debido al retraso en la senescencia de las hojas, los genotipos SG acumulan mayor cantidad de materia seca durante el llenado de grano, lo que conlleva a un mayor rendimiento de los

cultivos (Valentinuz y Tollenaar, 2004). Por tal motivo, el SG se utiliza como un criterio de selección en la mejora de este cultivo, usado para extender la duración del llenado del grano y asegurar que el tamaño del mismo no esté limitado por la falta de asimilados en la post floración (Pinto *et al.*, 2016).

A su vez, el llenado del grano depende de dos fuentes que suministran carbono y nitrógeno. La primera son las hojas fotosintéticamente activas que transfieren fotoasimilados directamente hacia el grano y la segunda son los tejidos de reserva, antes o después de la floración, que redistribuyen los fotoasimilados que han sido almacenados (Yang y Zhang, 2006). Al respecto, varios autores han resaltado la importancia de la tasa de senescencia sobre el rendimiento de los cultivos, mediante el control de los fotoasimilados en la etapa posterior a la floración (Himelblau y Amasino, 2001; Thomas y Howarth, 2000). De igual forma, Bogard *et al.* (2011), enfatizaron que el efecto del SG foliar sobre el rendimiento y la concentración de proteína en el grano también depende de la disponibilidad de nitrógeno durante el período posterior a la antesis.

Aunque el carácter SG puede incrementar el rendimiento de los cultivos, Wu *et al.* (2012) consideran que la senescencia de la hoja puede influir positiva o negativamente en el peso final del grano. Así pues, los genotipos SG cultivados en condiciones desfavorables (frío, por ejemplo) podrían presentar valores bajos en la tasa de llenado de grano, en la eficiencia en el uso del nitrógeno y en el contenido de proteína en el grano, generando contradicciones para los mejoradores de este carácter (Gong *et al.*, 2005).

1.2.2 Tipos de stay green

En los cultivos, el SG puede ser cosmético o funcional. En los fenotipos con SG cosmético, las plantas y hojas, aunque mantienen el color verde, han perdido su capacidad fotosintética. A diferencia de los anteriores, el SG funcional se refiere a los fenotipos que mantienen su color y conservan su capacidad fotosintética activa (Kante *et al.*, 2016; Thomas y Howarth, 2000). El incremento en el SG visual, basado simplemente por el color de las hojas y tallos, ha sido usado en la mejora de maíz como un carácter que ha puesto de manifiesto marcadas diferencias entre los híbridos antiguos y los más modernos (Duvick, 2005).

Thomas y Smart (1993) dividieron el carácter SG en cuatro tipos (A, B, C y D); posteriormente, Thomas y Howarth (2000) añadieron el tipo E a la clasificación anterior. En el tipo A se produce un retraso en el inicio de la senescencia y luego continúa en tasas constantes. En el tipo B la senescencia se produce a un ritmo lento. En el tipo C la senescencia ocurre de forma natural, pero hay un fallo en la degradación de la clorofila y, aunque se mantiene el color, la fotosíntesis no se lleva a cabo. En el tipo D la muerte de la hoja se produce de forma artificial, por ejemplo, al congelarse, por lo que mantiene el color, aunque ya está muerta y no realiza fotosíntesis. Finalmente, en el tipo E las hojas acumulan un alto contenido de clorofila, pero sin aumentar la fotosíntesis.

1.2.3 Caracteres relacionados con stay green

Este carácter ha sido descrito en diversas especies (Tabla 1.1) por tener influencia favorable en la producción de los cultivos, ya que ha sido asociado positivamente con la resistencia al encamado (Duvick y Cassman, 1999), el rendimiento de biomasa (Borrell *et al.*, 2000; Thomas y Smart, 1993), el incremento del rendimiento de grano en plantas cultivadas bajo condiciones de estrés producidas por sequía (Borrell *et al.*, 2014), la limitación de nitrógeno (Thomas y Ougham, 2014) o el calor (Pinto *et al.*, 2016).

Además, ha sido asociado con la resistencia a diferentes patógenos, tales como *Helminthosporium turcicum* Pass, virus del mosaico del enanismo (MDMV, por su nombre en

inglés *Maize Dwarf Mosaic Virus*), virus del rayado negro (MBSDV, por su nombre en inglés *Maize Black Streaked Dwarf Virus*) y *Stenocarpella maydis* (Berk.) en maíz (Bensch, 1995; Choi *et al.*, 1994); *Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) en trigo (Acharya *et al.*, 2011; Joshi *et al.*, 2007), *Macrophomina phaseolina* (Tassi), *Fusarium spp* y *Colletotrichum spp* en sorgo (Burgess *et al.*, 2002; Rashmi y Rajkumar, 2015) y *Rhynchosporium*, *Sarocladium*, y *Helminthosporium* en arroz (Jennings *et al.*, 2002). Algunos autores también han relacionado el SG con la tolerancia a una mayor densidad de plantas en diferentes cultivos (Antonietta *et al.*, 2014; Dong *et al.*, 2012; Joshi *et al.*, 2007).

Tabla 1.1 Caracteres relacionados con el Stay Green obtenidos para varios cultivos de importancia comercial (adaptado de Caicedo *et al.*, 2016).

| Especie | Carácter asociado con el SG | Referencia |
|--------------------------------|---|---------------------------------------|
| Maíz | Tolerancia a sequía y bajo nitrógeno | (Badu-Apraku <i>et al.</i> , 2012) |
| | Alto rendimiento de grano, incremento de materia seca | (Wilkinson y Hill, 2003) |
| | Alta acumulación de sacarosa | (Ceppi <i>et al.</i> , 1987) |
| | Mayor rendimiento de biomasa | (Sinclair y Horie, 1989) |
| | Alta acumulación de carbono y nitrógeno | (Antonietta <i>et al.</i> , 2014) |
| Trigo | Mayor llenado de grano | (Chen <i>et al.</i> , 2010) |
| | Alto peso de mil granos | (Derkx <i>et al.</i> , 2012) |
| | Tolerancia al calor, alto rendimiento de grano y biomasa | (Kumari <i>et al.</i> , 2013) |
| | Tolerancia a sequía | (Nawaz <i>et al.</i> , 2013) |
| Arroz | Incremento en el rendimiento de grano, mayor llenado de grano | (Yoo <i>et al.</i> , 2007) |
| | Menor descomposición clorofílica, menor degradación de pigmentos y proteínas | (Jiang <i>et al.</i> , 2007) |
| Girasol | Tolerancia a la sequía y bajo contenido de humedad del grano en la cosecha | (Cukadar-Olmedo <i>et al.</i> , 1997) |
| | Alto contenido de aceite, incremento de biomasa | (De la Vega <i>et al.</i> , 2011) |
| Tomate, pimiento | Inhibición de la degradación clorofílica y proteína durante la maduración de los frutos | (Barry <i>et al.</i> , 2008) |
| Brócoli | Reducida degradación clorofílica, senescencia tardía | (Gómez-Lobato <i>et al.</i> , 2014) |
| Kiwi | Alta biosíntesis de pigmentos y reducción de su degradación | (Montefiori <i>et al.</i> , 2016) |
| Pratense (<i>Miscanthus</i>) | Tolerancia a sequía, senescencia retrasada de la hoja, incremento de biomasa | (Clifton-Brown <i>et al.</i> , 2002) |
| Mandioca (Yuca) | Tolerancia a la sequía, incremento de biomasa fresca total, alto contenido de materia seca en la raíz | (Lenis <i>et al.</i> , 2006) |
| Judía (Fréjol, frijol) | Incremento del tamaño de la semilla, alto rendimiento, tolerancia al calor | (Ismail <i>et al.</i> , 2000) |

1.2.4 Estimación del carácter stay green

En la literatura existe una gran variedad de metodologías para evaluar el SG. La metodología seleccionada depende básicamente del cultivo y del tamaño de la población. El método comúnmente utilizado ha sido la escala de rango visual, que, aunque es subjetivo, es muy útil para grandes poblaciones. En varios trabajos sus autores utilizaron escalas visuales de 1 a 5, donde 1 era asignado a plantas con todas las hojas verdes y 5 a plantas con todas las hojas secas (Belúcuas *et al.*, 2014; Câmara *et al.*, 2007; Costa *et al.*, 2008). Por el contrario, Kante *et*

al. (2016) utilizaron la escala anterior (de 1 a 5) pero en este caso, 1 era asignado a plantas completamente secas y 5 a plantas totalmente verdes. Una variante de este método fue utilizada por Xu *et al.* (2000) y Al-Karaki (2012) que se basaron en la proporción de área foliar de una hoja de tamaño estándar con senescencia prematura y muerta. La calificación 1 correspondía a hojas saludables; 2, 3 y 4 indicaban aproximadamente 40, 60 y 80% del área foliar muerta, respectivamente; mientras que 5 indicaba muerte total de las plantas (hojas y tallo). Otros autores usaron escalas diferentes para evaluar el SG, por ejemplo, Joshi *et al.* (2007) utilizaron una escala de 0 a 9 para cuantificar el área verde, mientras que Badu-Apraku *et al.* (2012) emplearon una escala de 1 a 10.

Por su parte, Wang *et al.* (2012) evaluaron este carácter obteniendo el índice de área foliar verde en tres etapas del cultivo: durante el período de crecimiento, 30 días después de la floración y en madurez fisiológica.

Otro modo de estimar el carácter SG de las plantas consiste en medir directamente el contenido de clorofila de las hojas mediante el uso de equipos portátiles como SPAD (Konica Minolta, Inc., USA) o CCM-200 (Opti-Sciences, Inc., USA) que calculan el valor del índice de concentración clorofílica (CCI, por sus siglas en inglés *Chlorophyll Concentration Index*). Estos equipos proporcionan valores que se corresponden con la cantidad relativa de clorofila total presente en las hojas (Xu *et al.*, 2000).

Otra alternativa para evaluar los genotipos SG es medir su eficiencia fotoquímica utilizando analizadores portátiles de fluorescencia clorofílica. A partir de medidas de fluorescencia clorofílica se obtienen parámetros como el rendimiento cuántico potencial o máximo del FOTOSISTEMA II (F_v/F_m) comúnmente medido bajo condiciones de adaptación a la oscuridad de las hojas, lo que desarticula todo el mecanismo de transporte de electrones necesario para la realización de la fotosíntesis, y permite determinar la fluorescencia inicial o mínima (F_0), fluorescencia máxima (F_m) y la diferencia entre los valores máximo y mínimo ($F_v = F_m - F_0$). El rendimiento cuántico máximo del FOTOSISTEMA II está determinado por la razón $F_v/F_m = (F_m - F_0) / F_m$, por lo tanto, si aumenta F_m , el valor del rendimiento cuántico tendería a uno (Murchie y Lawson, 2013). Para la mayoría de las especies el valor óptimo de rendimiento cuántico es de 0,83, valores más bajos indican que las plantas han sido sometidas o han sufrido de forma natural algún tipo de estrés, especialmente por foto-inhibición o por algún daño en el fotosistema II (foto-oxidación) (Maxwell y Johnson, 2000).

Por otro lado, las medidas de fotosíntesis, transpiración, conductancia estomática y temperatura de la hoja en función del intercambio gaseoso, pueden permitir diferenciar genotipos SG. Para el efecto se usan equipos de medida de intercambio de gases (equipos portátiles) tales como LI-6400 (LI-COR, Inc.) o GFS-3000 (Heinz Walz GmbH). Estos equipos, son sistemas abiertos que llevan un sensor infrarrojo útil en el análisis del intercambio gaseoso (IRGA, por sus siglas en inglés *Infra Red Gas Analyzer*), lo que significa que las medidas de fotosíntesis y transpiración se basan en las diferencias de CO_2 y H_2O en una corriente de aire que fluye a través de una cámara cerrada donde se encuentra la hoja para ser analizada. Cuando se mide fotosíntesis con un IRGA se obtiene un valor de la fotosíntesis neta, es decir, el balance entre el CO_2 fijado y el emitido (Varela *et al.*, 2010).

Aunque el uso de cartas de colores para tejidos y hojas ha sido muy común para incrementar la eficiencia en el manejo del nitrógeno en cultivos como el trigo y el arroz (Witt *et al.*, 2005), Nguy-Robertson *et al.* (2015) emplearon esta metodología para separar hojas de maíz por su color, en función del contenido de clorofila presente. En este contexto, el uso de estas cartas y particularmente las cartas de color Munsell para tejidos de plantas pueden resultar herramientas útiles para evaluar el carácter SG.

Las imágenes térmicas y de fluorescencia clorofílica, consideradas herramientas poderosas para el estudio de la heterogeneidad espacial y temporal de la transpiración de las hojas y del rendimiento fotosintético (Chaerle *et al.*, 2007), se han convertido en una alternativa rápida y económicamente viable para el fenotipado e identificación de genotipos SG. Estas herramientas generalmente van ensambladas o acopladas a vehículos aéreos no tripulados, tales como los drones.

1.3 ESTUDIOS GENÉTICOS RELACIONADOS AL CARÁCTER STAY GREEN

1.3.1 Poblaciones de mapeo

Una población de mapeo se define como un grupo de genotipos que presentan variabilidad para el carácter en estudio. Estas poblaciones pueden clasificarse en estructuradas y no estructuradas.

1.3.1.1 Poblaciones de mapeo estructuradas

En este grupo se incluyen las poblaciones de líneas recombinantes (RIL, por sus siglas en inglés *Recombinant Inbred Lines*) biparentales, multiparentales (MAGIC, por sus siglas en inglés *Multiparent Advances Generation Intercross*), anidadas para mapeo de asociación (NAM, por sus siglas en inglés *Nested Association Mapping*) y procedentes de poblaciones locales (del inglés *landraces*).

Las poblaciones biparentales de mapeo que se utilizaron en un principio fueron las poblaciones F₂, F_{2:3} y los retrocruzamientos (BC, por sus siglas en inglés *Backcross*). Las RIL se pueden obtener mediante 6 a 8 ciclos de autofecundación a partir de la generación F₂ o mediante la obtención de haploides dobles (DH, por sus siglas en inglés *Double Haploids*) donde se explota el fenómeno de haploidía. En el caso del maíz ha resultado más eficiente producir líneas DH induciendo la haploidía *in vivo* en vez de mediante cultivo *in vitro* de anteras o de óvulos, como ocurre en otros cultivos (Prasanna *et al.*, 2013). Por otro lado, también han sido utilizadas las poblaciones de líneas casi isogénicas (NIL, por sus siglas en inglés *Near Isogenic Lines*), desarrolladas a partir de retrocruzamientos sucesivos, cuyos cromosomas difieren únicamente entre sí por los segmentos que contienen los QTL (del inglés *Quantitative Trait Loci*) responsables del carácter en estudio.

Las poblaciones multiparentales de mapeo resultan del cruce de múltiples líneas fundadoras; y, permiten generar un conjunto de líneas puras mediante sucesivos ciclos de autofecundación o generación de DH (Mackay y Powell, 2007). Para aumentar la resolución se puede recombinar varias veces la población base antes de obtener las líneas homocigóticas. Así se obtienen las poblaciones MAGIC que tienen la ventaja frente a las poblaciones biparentales de que permiten el estudio simultáneo de más de dos alelos.

Por otro lado, las poblaciones anidadas son el producto de cruzar diferentes líneas puras de origen totalmente distinto con un único parental en común y posteriormente recombinadas y autofecundadas sucesivamente para generar familias RIL (McMullen *et al.*, 2009).

1.3.1.2 Poblaciones de mapeo no estructuradas

Al hablar de poblaciones no estructuradas se hace referencia a las poblaciones en las que la relación familiar es desconocida. Dentro de este grupo se incluyen los paneles de asociación, los cuales agrupan líneas de diverso origen que representan la variabilidad de la especie en estudio. En varios estudios realizados en maíz se ha documentado el uso de este tipo de poblaciones con la finalidad de mejorar la resolución de los caracteres estudiados (Camus-Kulandaivelu *et al.*, 2006; Rincón *et al.*, 2012).

1.3.2 Mapeo de QTL relacionados al carácter SG

En maíz, Zheng *et al.* (2009) llevaron a cabo el mapeo de QTL para el carácter SG en una población F₂ generada a partir del cruzamiento entre una línea SG (Q319) y una línea estándar (Mo17). El mapeo de intervalos compuestos (CIM, por sus siglas en inglés *Composite Interval Mapping*) fue la metodología empleada para la identificación de los QTL. Un total de 14 QTL fueron detectados para el carácter SG en diferentes intervalos de tiempo tras la floración. La proporción de la varianza fenotípica explicada por cada QTL varió desde 5,40 a 11,49% con acción sinérgica procedente de la línea Q319. Los autores encontraron una elevada correlación entre el carácter SG y el rendimiento.

Posteriormente, Wang *et al.* (2012) analizaron 189 individuos F₂ derivados del cruzamiento entre las líneas de maíz A150-3-2×Mo17 (línea SG × línea estándar), usando el modelo mixto basado en mapeo de intervalos compuestos (MCIM, por sus siglas en inglés *Mixed-model-based Composite Interval Mapping*). Estos autores encontraron 14 QTL para tres caracteres relacionados con SG (área verde de la hoja por planta 30 días después de la floración, área verde de la hoja y número de hojas verdes por planta en la etapa de maduración del grano). El porcentaje de varianza fenotípica explicado por cada uno de los QTL osciló entre el 3,16 y el 12,50%.

Por su parte, Kante *et al.* (2016) identificaron QTL relacionados al SG en maíz templado utilizando dos poblaciones de mapeo F₂ formadas al cruzar la línea SG PHG39 con dos líneas no SG denominadas EA1070 (maíz liso europeo) y B73 (maíz dentado del cinturón maicero). Estos autores encontraron asociación entre los marcadores usados y el carácter SG en tres regiones (bins 1.04-1.09, 5.02 y 10.04-10.06), basándose en el análisis de individuos ubicados en las colas extremas (alta y baja) durante la evaluación. Asimismo, consideraron que la fuerte asociación de algunos marcadores en el cromosoma 1 puede estar relacionada con la mayor cantidad de clorofila (cuatro veces más), detectada a los dos meses después de la floración, mostrada por los homocigotos de dichos marcadores con alelos SG, en comparación con los homocigotos con alelos no SG. Finalmente, concluyeron que en todas las regiones los alelos favorables provienen de la línea SG PHG39.

En un estudio más reciente Yang *et al.* (2017) mapearon y validaron QTL para parámetros asociados al SG de la hoja de maíz. Para ello, utilizaron datos de una población RIL F_{3:4} con 165 líneas procedentes del cruzamiento entre una línea pura SG (Zheng58) y una línea pura modelo (B73). En este trabajo se detectaron un total de 23 QTL en nueve cromosomas. Cada QTL explicó entre el 3,7 y 13,5% de la varianza fenotípica. Además, utilizando el método de familias puras heterogéneas para la validación de QTL SG importantes, encontraron que los parámetros asociados al SG, tales como contenido de clorofila, eficiencia fotosintética del fotosistema II y área verde de la hoja en la madurez fisiológica se correlacionaron significativamente con el rendimiento de la planta.

En otros cultivos también se llevaron a cabo estudios de mapeo de QTL asociados al carácter SG. En sorgo, Sukumaran *et al.* (2016) realizaron el mapeo genético de una población RIL desarrollada a partir del cruzamiento entre Tx436 (línea no SG y de alta calidad alimenticia) y 00MN7645 (línea SG de alto rendimiento), que fueron fenotipadas en ocho ambientes y genotipadas por secuenciación (GBS, por sus siglas en inglés *Genotyping by Sequencing*). En total obtuvieron 15 QTL, de los cuales 4 fueron para caracteres relacionados al SG (contenido de clorofila y fluorescencia clorofílica) localizados en los cromosomas 3, 4 y 5. Los QTL identificados en los cromosomas 3 y 4 explicaron del 8 al 24% de la variación fenotípica.

Por su parte, Gous *et al.* (2016) evaluaron la expresión del carácter SG en cebada empleando mapeo de intervalos compuestos en 100 líneas pertenecientes a una población de

dobles haploides derivados del cruzamiento ND24260 \times Flagship. Los autores detectaron 10 QTL para SG situados en los cromosomas 3H, 4H, 5H, 6H y 7H; seis también estaban asociados con estrés por calor y cuatro con estrés hídrico.

En trigo de invierno, Yang *et al.* (2016) utilizaron una población RIL construida con 306 líneas formadas a partir del cruzamiento Hanxuan 10 (resistente a sequía) y Lumai 14 (alto rendimiento sin estrés hídrico) para detectar QTL asociados al contenido de clorofila durante la etapa del llenado del grano, carácter que está ligado al SG. Se detectaron 12 QTL de efecto aditivo y cuatro QTL de efecto epistático bajo mapeo condicionado y no condicionado, respectivamente. Estos QTL fueron distribuidos en 6 cromosomas: 3B, 3D, 4B, 5A, 6A y 7A. La variación fenotípica explicada por cada QTL varió entre 2,12 y 12,80%. También detectaron un QTL mayor (QChl-5A.1) presente en múltiples etapas durante el llenado del grano.

Otro estudio realizado en arroz probó la existencia de QTL relacionados con la senescencia de la hoja durante la madurez. Se identificaron seis QTL para alto mantenimiento del contenido de clorofila, cuatro QTL para contenido de nitrógeno y cinco QTL para tasa de transporte de nitrógeno a los brotes durante la madurez. Además, encontraron un QTL prominente y estable (*qCHRI*) en el cromosoma 3, el mismo que incrementa la acumulación y distribución de nitrógeno a las hojas durante la madurez. Para llevar a cabo este estudio emplearon datos de una población RIL derivada del cruzamiento entre las líneas Akenohoshi y Koshihikari (Yamamoto *et al.*, 2017).

1.3.3 Expresión génica

La traducción es la transformación de instrucciones codificadas en los ácidos nucleicos en proteínas. En los estudios de expresión génica se analiza la cantidad de ARN que más tarde, mediante la traducción, se transformaría en proteínas. La actividad de miles de genes simultáneamente puede ser medida generando su perfil de expresión, los cuales pueden, por ejemplo, distinguir las células que se encuentran dividiéndose activamente o la reacción de las mismas a un determinado tratamiento, convirtiéndose la expresión génica, por tanto, en un aspecto clave durante el desarrollo de un fenotipo.

En la actualidad, los métodos para analizar la expresión génica y caracterizar el transcriptoma pueden clasificarse en dos grupos: basados en la hibridación y basados en la secuenciación del ARN.

1.3.3.1 Análisis de la expresión génica por hibridación

Este método ha avanzado mucho desde los primeros estudios basados en la técnica de *Northern blot*, la cual permitía la identificación de algunas decenas de genes simultáneamente, hasta llegar en la actualidad a los chips de ADN, técnica que ha permitido caracterizar varios miles de transcritos a la vez (Schena *et al.*, 1995). Estos chips están basados en la hibridación de sondas marcadas con fluoróforos frente a miles de genes diana que están anclados a superficies de vidrio o silicona. Ésta técnica determina la concentración de diferentes transcritos representados en el chip de forma semi-cuantitativa. La desventaja que presentan es que no existe la posibilidad de descubrir nuevos transcritos o caracterizar la expresión de genes que no se encuentran representados en el chip (Pascual y Cañizares, 2012; Schena, 1999).

1.3.3.2 Análisis de la expresión génica por secuenciación de ARN

El continuo avance en las tecnologías de secuenciación de próxima generación (NGS, por sus siglas en inglés *Next Generation Sequencing*) ha llevado a un incremento masivo en la cantidad de datos de expresión génica, lo que ha revolucionado de forma progresiva el estudio genómico y transcriptómico. El estudio a nivel del transcriptoma finalmente ha resultado en

una tecnología innovadora denominada RNA-Seq, la misma que desde hace pocos años ha sido empleada en el estudio de diferentes plantas, incluyendo maíz (Li *et al.*, 2010b; Zhang *et al.*, 2014b), soja (Severin *et al.*, 2010), arroz (Zhang *et al.*, 2010a), sorgo (Wu *et al.*, 2016), algodón (Lin *et al.*, 2015) y Arabidopsis (Filichkin *et al.*, 2010).

A diferencia de los chips de ADN, este método permite descubrir nuevos transcritos y caracterizar directamente el transcriptoma (Pascual y Cañizares, 2012). Asimismo, en comparación con los métodos basados en la hibridación, la tecnología RNA-Seq presenta las siguientes ventajas: ofrece un amplio rango de niveles de expresión, así como más información para detectar alelos con expresión específica, nuevos promotores e isoformas y genera menos ruido y un mayor rendimiento (Kvam *et al.*, 2012; Oshlack *et al.*, 2010).

1.3.4 Estudios de expresión génica relacionadas al carácter SG usando la tecnología RNA-Seq

Pocos trabajos han abordado la identificación de genes asociados a la senescencia en maíz utilizando tecnología RNA-Seq. Únicamente Zhang *et al.* (2014b) realizaron un análisis transcriptómico de la línea pura de maíz Q319 con la finalidad de entender los mecanismos moleculares ocurridos durante el desarrollo de la senescencia natural e inducida en la hoja. En ese estudio identificaron tres perfiles de expresión que incluían 2271, 2082 y 3117 genes diferencialmente expresados (DEGs, por sus siglas en inglés *Differentially Expressed Genes*) que habían derivado de tres comparaciones realizadas durante la senescencia natural (senescencia temprana de la hoja vs hojas maduras, senescencia tardía de la hoja vs hojas maduras y senescencia tardía vs senescencia temprana de la hoja). Los genes identificados fueron incluidos, de acuerdo a su clasificación funcional, dentro de 18 categorías involucradas en el metabolismo de las proteínas, transportadores y señales de transducción. Asimismo, identificaron 233 genes codificando a factores de transcripción (TFs, por sus siglas en inglés *Transcriptional Factors*) distribuidos dentro de 35 familias, incluyendo las familias MYB, bHLH, C2H2, NAC, AP2/EREBP y bZIP. Dicho estudio reveló que los genes relacionados con el transporte en la etapa temprana de la senescencia participan en la transferencia de enzimas y aminoácidos, mientras que los genes con regulación positiva (*up regulated*) en la etapa tardía de la senescencia estuvieron involucrados en el transporte de azúcares.

En otros cultivos, también se ha abordado el estudio de la expresión génica para el carácter SG. En Sorgo, Wu *et al.* (2016) evaluaron la línea de alto rendimiento *Kaoliang* Ji2731 bajo condiciones de senescencia natural e inducida por la oscuridad durante cuatro etapas del desarrollo de la senescencia (madurez, senescencia temprana, media y tardía). Los autores identificaron 3396 genes asociados a la senescencia (SAGs, por sus siglas en inglés *Senescence Associated Genes*), involucrados predominantemente en procesos metabólicos y actividades catalíticas de acuerdo a su ontología genética (GO por sus siglas en inglés *Gene Ontology*). La totalidad de genes enriquecieron 13 rutas KEGG (del inglés *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*). Además, encontraron siete regiones importantes en los cromosomas 1, 4, 5 y 7 conteniendo SAGs cuya función se relacionaba con la unión de iones de manganeso y con la reserva de nutrientes. También identificaron varios factores de transcripción implicados en la regulación de la senescencia en la hoja de sorgo denominados *ORE1*, *EIN3* y *WRKY53*. Al comparar los dos métodos evaluados (senescencia natural e inducida), los autores identificaron 507 SAGs comunes, 1996 SAGs específicos para el desarrollo y 176 marcadores potenciales para monitorear la senescencia en sorgo.

En el estudio realizado por Lin *et al.* (2015) en algodón cultivaron plantas de la línea CCRI 36 en condiciones ambientales controladas bajo ciclos de 12 horas de luz y 12 de oscuridad. Estos autores detectaron 3624 genes diferencialmente expresados durante la senescencia de la

hoja. La mayoría de genes con regulación negativa (*down regulated*) estuvieron relacionados con la fotosíntesis, el metabolismo de la clorofila y la fijación del carbono, mientras que los genes con expresión positiva (*up regulated*) estuvieron involucrados en las señales de transducción de hormonas. Además, encontraron 519 TFs expresados diferencialmente, incluidos en su mayoría en las familias WRKY, bHLH y C3H. También identificaron 960 genes involucrados en la regulación y metabolismo de ocho hormonas, de los cuales, los genes con regulación positiva estuvieron involucrados en las rutas del ácido abscísico, brassinosteroides, ácido jasmónico, ácido salicílico y etileno. Finalmente, demostraron que los genes involucrados en las rutas de las auxinas, citoquininas y giberelinas actúan como reguladores negativos de la senescencia.

1.4 JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN

La producción de biomasa y el rendimiento del maíz dependen de la capacidad de la planta para realizar la fotosíntesis en condiciones cambiantes y durante un periodo de tiempo prolongado. Algunos genotipos de maíz mantienen las hojas de color verde durante más tiempo de lo que es habitual en este cultivo, aunque esto no afecta a la maduración y secado del grano. Estos genotipos se denominan "stay green". Debido al retraso en la senescencia de las hojas, los genotipos SG acumulan mayor cantidad de materia seca durante el llenado de grano, lo que conlleva un mayor rendimiento de grano (Valentinuz y Tollenaar, 2004). Además, el mantenimiento de las hojas verdes los hace más adecuados para el doble aprovechamiento alimentario-energético. Thomas y Howarth (2000) propusieron 5 tipos diferentes de SG, aunque podrían reducirse a tan solo dos, aquellos que presentan plantas con clorofila funcional (que sigue realizando la fotosíntesis) o no funcional. De acuerdo con Valentinuz y Tollenaar (2004), el patrón vertical de inicio de la senescencia va desde las hojas basales y superiores hacia las hojas centrales, que son las últimas en envejecer. Aunque según otros autores el patrón de senescencia es muy variable y podría ser diferente en plantas sometidas a estrés (Escobar-Gutiérrez y Combe, 2012; Pommel *et al.*, 2006). Los factores internos o externos que provocan la senescencia de las hojas no están claros, aunque se han propuesto como desencadenantes de este proceso la relación fuente/sumidero (Rajcan y Tollenaar, 1999) y el contenido de azúcares de la hoja (Rajcan *et al.*, 1999). Por otro lado, el SG se ha asociado con tolerancia a bajo N (Badu-Apraku *et al.*, 2012; Worku *et al.*, 2012). La mayor tolerancia a bajo N puede deberse a una mejor captación del N disponible en el suelo o a un mejor aprovechamiento del N una vez captado. Ma y Dwyer (1998) y Worku *et al.* (2012) proponen la hipótesis, sin comprobar experimentalmente, de que los genotipos SG son tolerantes a bajo N debido a que mantienen una mayor transpiración a través de las hojas, lo que conlleva una mayor asimilación de N. A su vez, Li *et al.* (2012) sugieren, en base a mediciones de fotosíntesis, que después de la fertilización nitrogenada la coordinación del fotosistema I y el fotosistema II es más eficiente en los genotipos SG que en los genotipos no SG.

Con respecto a la regulación genética del carácter, en *Arabidopsis* se han identificado múltiples genes con expresión alterada durante la senescencia. Resulta complicado conocer el papel exacto de cada gen en la senescencia, ya que durante la misma ocurren múltiples procesos que tienen lugar en diferentes partes de la planta (cloroplastos, citosol, vacuola...), así como también la degradación y movilización de diversas sustancias (clorofila, proteínas, ADN, ARN, lípidos, etc.) (Edwards *et al.*, 2012). Aunque la mayor parte de estudios genéticos se han realizado en *Arabidopsis*, esta planta modelo no es probablemente ideal para estudios de senescencia debido a la corta vida de sus hojas (Buchanan-Wollaston *et al.*, 2003). En maíz, Wang *et al.* (2012) y Zheng *et al.* (2009) localizaron numerosas regiones con efectos genéticos

(QTL) en el carácter, pero ninguno de efecto mayor. Resultados similares fueron obtenidos por Messmer *et al.* (2011) para SG en condiciones de sequía.

Una vez que el nivel tecnológico ha permitido el genotipado rápido y económico de un número relativamente elevado de individuos, el fenotipado está empezando a despertar un interés cada vez mayor por parte de la comunidad científica (Zhu *et al.*, 2008). El conocimiento de procesos fisiológicos clave asociados con el rendimiento de los cultivos, lo que se conoce como disección de caracteres, es fundamental en mejora genética de plantas (Edmeades *et al.*, 2004). En el caso del maíz, la mejora genética realizada durante décadas ha sido efectiva mejorando el área foliar y el grado de inclinación de las hojas que, a su vez, ha mejorado la capacidad fotosintética del cultivo (Lee y Tollenaar, 2007). Según estos autores, un segundo carácter que ha contribuido a la mejora del rendimiento es el SG. Por último, el número de granos también ha aumentado con la mejora, manteniendo el balance fuente/sumidero que es necesario para la estabilidad de la planta. Lee y Tollenaar (2007) proponen el SG funcional, es decir, el mantenimiento de la actividad fotosintética durante el llenado de grano y el número de granos por mazorca como los caracteres más interesantes para mejorar el rendimiento del cultivo.

En estudios preliminares realizados en la Misión Biológica de Galicia (MBG-CSIC) se ha identificado una línea con un SG muy acusado (SG-1). Esta línea se ha cruzado con una línea con SG estándar y se ha desarrollado una población de mapeo F₂ que ha sido evaluada para el carácter SG. Esto ha permitido detectar una región del genoma con efecto mayor sobre el carácter (región-1), aunque la región está definida con poca precisión (Kante *et al.*, 2016). A su vez, se ha desarrollado una población de mapeo F₂ cruzando la línea SG-1 con una línea estándar (B73) diferente a la previamente utilizada, para comprobar si el efecto persiste en otro entorno genético y para afinar la localización del gen o genes relacionados. Asimismo, se empezó a introducir la región-1 en la línea B73 mediante retrocruzamiento para obtener una versión isogénica SG de B73 y poder estudiar con mayor precisión el efecto del gen sobre distintos caracteres de la planta.

Como ya se mencionó, el retraso en la senescencia o “stay green” es un carácter deseable para la producción de los cultivos y está asociado con la producción de biomasa, resistencia al encamado y rendimiento. Además, es probable que esté correlacionado con la tolerancia a bajo nitrógeno (N); sin embargo, no existe mucha información al respecto en el cultivo de maíz. Además, tanto los estudios fisiológicos como los estudios genéticos sobre senescencia se han realizado en un escaso número de genotipos, por lo que se han obtenido conclusiones parciales. Esta investigación profundizará en los mecanismos genéticos y fisiológicos relacionados con la senescencia en maíz.



OBJETIVOS



2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo general

Estudiar a nivel fisiológico y genético la senescencia en maíz templado.

2.2 Objetivos específicos

- 2.2.1 Caracterizar la senescencia mediante la evaluación en múltiples ambientes de líneas elite de diferente precocidad (floración temprana, media, tardía y muy tardía) para caracteres fisiológicos relacionados con el proceso de la senescencia y para caracteres relacionados con el rendimiento de grano y la biomasa.
- 2.2.2 Detectar QTL relacionados con la senescencia en una población de mapeo multiparental (MAGIC) y estudiar el cambio en la expresión génica que ocurre durante la senescencia mediante RNA-Seq que a su vez servirá para identificar genes asociados con este proceso.







MATERIALES Y MÉTODOS



3 MATERIALES Y MÉTODOS

Para una mejor comprensión de la metodología empleada, esta investigación fue dividida en tres secciones principales. La primera sección se refiere al estudio de la variación genética para caracteres relacionados con la senescencia, la segunda al mapeo de QTL asociados al SG en una población multiparental; y la tercera, al estudio de la expresión génica de líneas puras de maíz durante la senescencia. En cada sección se describe el material vegetal, los caracteres evaluados y los métodos estadísticos utilizados en cada estudio.

3.1 ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA SENESCENCIA

3.1.1 Material vegetal

En este estudio se utilizó una colección de 197 líneas puras de maíz que incluye líneas que presentan elevada expresión de SG visual y líneas sin esta característica (Tabla 3.1). Esta colección estuvo compuesta por 100 líneas élite, desarrolladas por Holden's Foundation Seeds y Pioneer Hi-Bred, cuya Protección ("PVP") por el gobierno de los Estados Unidos de América ha expirado recientemente, 70 líneas desarrolladas en diferentes programas públicos (INRA, University of Hohenheim, CRA-Unita di Ricerca per la Maiscoltura, Penn State University, Iowa State University,...), 11 líneas que son los principales progenitores del material privado élite actual (B73, DK3IHH6, PH207,...) (Mikel, 2011; Mikel y Dudley, 2006) y 16 líneas obtenidas en la Misión Biológica de Galicia. Todas estas líneas representan los principales grupos de germoplasma dentado (Lancaster-Oh43, Lancaster-C103, Oh07-Midland, Iodent, Stiff Stalk-B14, Stiff Stalk-B37, Stiff Stalk-B73) (Mikel y Dudley, 2006) y liso (líneas europeas) de las zonas templadas.

Tabla 3.1 Presencia del carácter Stay Green, ciclo y grupo heterótico de las líneas de maíz incluidas en este estudio para determinar la variación genética de caracteres relacionados con la senescencia.

| Línea | Ciclo | Stay Green | Grupo heterótico |
|---------|--------|------------|--|
| CR1HT | Precoz | No | Sin clasificar |
| EP42 | Precoz | No | Europeo liso |
| EZ21 | Precoz | Si | Sin clasificar |
| EZ59 | Precoz | Si | Europeo liso |
| EZ79 | Precoz | Si | Sin clasificar |
| F030 | Precoz | Si | Europeo liso |
| F05405 | Precoz | Si | Sin clasificar |
| F090 | Precoz | Si | Europeo liso |
| F106 | Precoz | Si | Europeo liso |
| F166 | Precoz | Si | Europeo liso |
| F564 | Precoz | Si | Europeo liso |
| LH160 | Precoz | Si | Sin clasificar |
| OQ403 | Precoz | No | Sin clasificar |
| P033 | Precoz | Si | Iodent |
| PA3401 | Precoz | Si | Mezcla-Stiff stalk-B14/Min13/Lancaster (Oh43)/ |
| PA3641 | Precoz | Si | Mezcla-Reid (Funk)/Lancaster (C103) |
| PHFA5 | Precoz | Si | Sin clasificar |
| PHK76 | Precoz | Si | No stiff stalk |
| PHR25 | Precoz | No | Iodent |
| PHTE4 | Precoz | Si | Sin clasificar |
| DK3IHH6 | Medio | No | No stiff stalk |
| A632 | Medio | No | Stiff stalk (B14) |

Tabla 3.1 (Continuación) Presencia del carácter Stay Green, ciclo y grupo heterótico de las líneas de maíz incluidas en este estudio para determinar la variación genética de caracteres relacionados con la senescencia.

| Línea | Ciclo | Stay Green | Grupo heterótico |
|---------|--------|------------|---|
| B108 | Medio | Si | No stiff stalk |
| CS608 | Medio | No | Sin clasificar |
| EC401 | Medio | Si | Stiff stalk |
| EC402 | Medio | Si | Stiff stalk |
| EC403 | Medio | Si | Stiff stalk |
| EZ51 | Medio | Si | Plata argentino |
| EZ81 | Medio | Si | Stiff stalk (B14) |
| EZ9 | Medio | Si | Plata argentino |
| F04704 | Medio | Si | Sin clasificar |
| F06102 | Medio | Si | Sin clasificar |
| F06909 | Medio | Si | Sin clasificar |
| F161 | Medio | Si | Europeo liso x argentino liso |
| F98902 | Medio | Si | Sin clasificar |
| L155 | Medio | No | Sin clasificar |
| LH127 | Medio | No | No stiff stalk |
| LH163 | Medio | No | Sin clasificar |
| LH168 | Medio | Si | Sin clasificar |
| LH172 | Medio | Si | Sin clasificar |
| LH184 | Medio | Si | Sin clasificar |
| LH202 | Medio | No | Stiff stalk |
| LH223 | Medio | Si | Sin clasificar |
| LH52 | Medio | No | No stiff stalk |
| LH57 | Medio | No | No stiff stalk |
| LH59 | Medio | Si | No stiff stalk |
| LH82 | Medio | No | No stiff stalk |
| Oh43 | Medio | No | No stiff stalk |
| OS602 | Medio | No | Stiff stalk |
| PA3327 | Medio | Si | Sin clasificar |
| PA3402 | Medio | Si | Stiff stalk |
| PA3403 | Medio | Si | Stiff stalk |
| PA3423A | Medio | Si | Stiff stalk |
| PA3423B | Medio | Si | Stiff stalk |
| PA3754 | Medio | Si | Mezcla-Reid (Funk)/Lancaster (C103)/W542? |
| PA3758 | Medio | Si | Variable |
| PA7236 | Medio | Si | Lancaster (Oh43) |
| PA742 | Medio | Si | Lancaster (Oh43) |
| PA8635 | Medio | Si | Sin clasificar |
| PH207 | Medio | No | lodent |
| PHBA6 | Medio | Si | Sin clasificar |
| PHBW8 | Medio | No | Sin clasificar |
| PHEW7 | Medio | No | Sin clasificar |
| PHG47 | Medio | No | No stiff stalk |
| PHH93 | Medio | Si | lodent |
| PHJ33 | Medio | Si | No stiff stalk |
| PHN11 | Medio | Si | lodent |
| PHR47 | Medio | No | Stiff stalk (PHG39) |
| PHR63 | Medio | Si | Sin clasificar |
| PHVA9 | Medio | Si | Sin clasificar |
| PHZ51 | Medio | Si | Sin clasificar |
| SD43 | Medio | Si | Sin clasificar |
| SD44 | Medio | Si | Sin clasificar |
| SD46 | Medio | Si | Sin clasificar |
| B104 | Tardío | Si | Stiff Stalk |
| B106 | Tardío | Si | No stiff stalk |

Tabla 3.1 (Continuación) Presencia del carácter Stay Green, ciclo y grupo heterótico de las líneas de maíz incluidas en este estudio para determinar la variación genética de caracteres relacionados con la senescencia.

| Línea | Ciclo | Stay Green | Grupo heterótico |
|---------|--------|------------|-----------------------|
| B109 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| B14a | Tardío | Si | Stiff stalk |
| B37 | Tardío | No | Stiff stalk |
| B66 | Tardío | No | No stiff stalk |
| B73 | Tardío | No | Stiff stalk |
| B79 | Tardío | No | Sin clasificar |
| B94 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| B97 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| EZ13 | Tardío | Si | Plata argentino |
| EZ18 | Tardío | Si | Midland |
| EZ52 | Tardío | Si | Plata argentino |
| F04703 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| F64 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| I205 | Tardío | No | Sin clasificar |
| LH128 | Tardío | No | No stiff stalk |
| LH181 | Tardío | No | Sin clasificar |
| LH190 | Tardío | No | Stiff stalk |
| LH192 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| LH195 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| LH200 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| LH206 | Tardío | No | Sin clasificar |
| LH208 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| LH210 | Tardío | No | Sin clasificar |
| LH213 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| LH216 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| LH224 | Tardío | No | Sin clasificar |
| LH51 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| LH65 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| Lo904 | Tardío | Si | Stiff stalk (B73/B37) |
| Mo17 | Tardío | No | No stiff stalk |
| Mo20W | Tardío | No | No stiff stalk |
| N209 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| N551 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| NC292 | Tardío | No | Stiff stalk |
| Oh3167b | Tardío | No | Sin clasificar |
| PA8634 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PA8637 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PA8638 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PA8640 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHAW6 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHBB3 | Tardío | No | Sin clasificar |
| PHHB4 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHHB9 | Tardío | No | Sin clasificar |
| PHHH9 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHJ70 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| PHK29 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| PHK35 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHM10 | Tardío | No | Stiff stalk |
| PHN73 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| PHN82 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| PHP38 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHP85 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHPR5 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHR58 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| PHR61 | Tardío | No | Sin clasificar |

Tabla 3.1 (Continuación) Presencia del carácter Stay Green, ciclo y grupo heterótico de las líneas de maíz incluidas en este estudio para determinar la variación genética de caracteres relacionados con la senescencia.

| Línea | Ciclo | Stay Green | Grupo heterótico |
|---------|------------|------------|------------------|
| PHT10 | Tardío | No | Stiff stalk |
| PHT11 | Tardío | No | Sin clasificar |
| PHT47 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHT60 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| PHV07 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHV78 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| PHW51 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHW52 | Tardío | Si | Stiff stalk |
| PHW53 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| PHW79 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| SD40 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| SD41 | Tardío | Si | Sin clasificar |
| SD45 | Tardío | No | Sin clasificar |
| Va35 | Tardío | Si | No stiff stalk |
| WIL903 | Tardío | No | No stiff stalk |
| B54 | Muy tardío | No | No stiff stalk |
| B95 | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| B96 | Muy tardío | No | Sin clasificar |
| DE1 | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| DE2 | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| EZ14 | Muy tardío | Si | Plata argentino |
| G | Muy tardío | No | Sin clasificar |
| LH1 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| LH123HT | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| LH159 | Muy tardío | No | Sin clasificar |
| LH194 | Muy tardío | Si | Stiff stalk |
| Mo12 | Muy tardío | No | Sin clasificar |
| NC258 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| NC300 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| PA8630 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| PHG39 | Muy tardío | Si | Stiff stalk |
| PHG84 | Muy tardío | No | No stiff stalk |
| PHGV6 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| PHJ31 | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| PHK93 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| PHM49 | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| PHM57 | Muy tardío | Si | No stiff stalk |
| PHP60 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| PHT55 | Muy tardío | Si | Stiff stalk |
| PHV53 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |
| T8 | Muy tardío | Si | Sin clasificar |

3.1.2 Datos fenotípicos

Basándonos en su fecha de floración las líneas se distribuyeron en cuatro grupos (precoces, medias, tardías y muy tardías) y se evaluaron utilizando un diseño aumentado específico para cada grupo de precocidad. Los ensayos se realizaron en dos localidades de la provincia de Pontevedra: Salcedo, Pontevedra (42° 24' N, 8° 38' O y 20 m de altitud) y Parada, Ponte Caldelas (42° 23' N, 8° 30' O y 360 m de altitud) durante los años 2015 y 2016. Pontevedra es una zona costera con clima templado y húmedo y Ponte Caldelas es una zona interior de mayor altitud y un clima más húmedo y frío. La precipitación promedio durante el período de cultivo (mayo-noviembre) en 2015 fue de 521 y 826 mm y en 2016 fueron 594 y 762 mm en Pontevedra y Ponte Caldelas, respectivamente. Asimismo, la temperatura promedio durante el mismo

período fueron 17,8 y 17,6°C en Pontevedra y 16,3 y 16,5°C en Ponte Caldelas para 2015 y 2016, respectivamente. De acuerdo con los análisis de suelo (Estación Fitopatológica de Areiro) la clase textural en las dos localidades fue franco arenoso con estructura granular y alto contenido de materia orgánica (4-6%). Para los análisis de datos se consideró la combinación entre localidad y año como un ambiente. En cada localidad los tratamientos fueron dispuestos en un diseño aumentado con dos bloques y se utilizaron 7, 18, 19 y 13 testigos por bloque para las líneas precoces, medias, tardías y muy tardías, respectivamente. La unidad experimental estuvo constituida por parcelas de 29 plantas cada una, representadas por un surco de 6,09 m y una superficie total de 4,9 m². Se sembraron dos semillas por golpe a una distancia de 0,21 m entre plantas y 0,80 m entre surcos. Finalmente se dejó una planta por golpe, obteniendo una densidad de 60.000 plantas · ha⁻¹.

Se evaluaron caracteres fisiológicos y agronómicos de cada línea, desde la floración hasta la senescencia, en cuatro momentos (1, 2, 3, 4 correspondientes a floración, 30, 60 y 75 días después de la floración, respectivamente). Todas las medidas de los caracteres fisiológicos fueron realizadas en la parte central de la hoja en cuya axila se encontraba la mazorca de cinco plantas tomadas al azar previamente marcadas (a excepción de fotosíntesis que se tomó en dos plantas).

A continuación, se describen los caracteres que han sido medidos en este estudio y que se dividen en dos apartados:

Fisiológicos:

- Índice de clorofila (CLO_1, CLO_2, CLO_3 y CLO_4): esta variable fue tomada utilizando un medidor de clorofila (CCM200 Opti-Sciences, Inc., USA). Éste mide la relación entre la radiación transmitida a través de la hoja en dos longitudes de onda (940 y 660 nm) y muestra el Índice del Contenido de Clorofila (CCI, por sus siglas en inglés *Chlorophyll Content Index*).
- Tasa fotosintética (FOT_1, FOT_2, FOT_3 y FOT_4): se refiere al valor promedio determinado en dos plantas, usando el equipo de análisis de intercambio gaseoso por infrarrojos LI-6400XT (LI-COR, Inc., USA) y expresado en $\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$.

Agronómicos:

- Longitud de mazorca (LONGMZ): distancia medida desde la base, en su inserción con el pedúnculo, hasta el ápice de la mazorca; el valor fue el promedio de cinco mazorcas tomadas al azar. Se expresó en centímetros.
- Número de hileras de granos por mazorca (NUMHIL): número promedio de hileras de granos contadas en cinco mazorcas de cada parcela elegidas al azar.
- Peso de 1000 granos (P1000K): peso de 1000 granos de cada parcela previamente contados y secados a 60 °C. Se expresó en gramos.
- Llenado del grano (LLEGRA): número de días transcurridos desde la floración hasta la madurez fisiológica del grano (presencia del punto negro en la base del grano).
- Humedad del grano (HUMG) y biomasa (HUMBIO): registradas después de la cosecha y estimadas en base al peso húmedo de una muestra de grano o paja y secado en estufa a 80 °C durante tres días. Los valores fueron obtenidos utilizando la siguiente expresión:

$$\% \text{ Humedad (grano ó paja)} = \frac{\text{Peso húmedo} - \text{Peso seco}}{\text{Peso húmedo}} \times 100$$

- Rendimiento de grano (RG): calculado ajustando al 14% de humedad del grano y utilizando la siguiente fórmula (expresado en $t \cdot ha^{-1}$):

$$Rendimiento = \frac{PC \times D \times MS \times 1000}{86 \times AP}$$

Donde:

PC = Peso total de las mazorcas de las plantas de una parcela, expresado en kilogramos.

D = Proporción de grano, expresado en tanto por uno.

$$Proporción\ de\ grano = \frac{Peso\ de\ grano\ (5\ mazorcas)}{Peso\ total\ (5\ mazorcas)}$$

MS = Materia seca (100 – porcentaje de humedad), expresado en tanto por uno.

86 = Factor de corrección para expresar el rendimiento a $140\ g \cdot kg^{-1}$ de humedad.

AP = Área de la parcela experimental, expresada en m^2 .

- Proteína bruta en grano (PROTG) y paja (PROTBIO): determinadas aplicando el método Kjeldahl (Bradstreet, 1954) en muestras de grano y paja molida, secadas previamente en estufa a $60\ ^\circ C$ durante 5 días. Expresado en porcentaje.
- Rendimiento de biomasa (RBIO): calculado utilizando la fórmula que se muestra a continuación y expresado en $t \cdot ha^{-1}$:

$$Rendimiento\ de\ biomasa = \frac{PB \times MS \times 10}{AP}$$

Donde:

PB = Peso total de la biomasa de la parcela experimental, expresado en kilogramos (se consideró como biomasa toda la planta, a excepción de las mazorcas, por lo que, de aquí en adelante, el término biomasa hará referencia a lo antes mencionado).

MS = Materia seca (100 – porcentaje de humedad), expresado en porcentaje.

AP = Área de la parcela experimental, expresada en m^2 .

- Relación entre grano y biomasa (RG/RBIO): obtenida al dividir el rendimiento de grano entre el rendimiento de biomasa.
- Relación entre contenido de proteína en el grano y la biomasa (PROTG/PROTBIO): calculada al dividir el contenido de proteína existente en el grano entre el contenido de proteína en la biomasa.

3.1.3 Análisis estadístico

Los datos de cada grupo de líneas fueron analizados independientemente, utilizando el procedimiento de modelos mixtos (PROC MIXED) del paquete estadístico SAS (SAS Institute, 2015), considerando las líneas como factores fijos y los bloques y ambientes como factores aleatorios. En el análisis, cada combinación año \times localidad fue considerada como un ambiente.

3.1.3.1 Comparación de medias e identificación de líneas con SG funcional tardío.

Las líneas de cada grupo de senescencia fueron clasificadas inicialmente en dos clases: SG funcional tardío (SGFT) y no SG funcional tardío (NSGT). Se consideraron líneas SGFT aquellas que presentaron valores de fotosíntesis a los 75 días después de la floración femenina

(ddff) significativamente mayores de cero. Por el contrario, las líneas NSGT no presentaron valores de fotosíntesis significativamente mayores de cero a los 75 ddff. A su vez, las líneas NSGT fueron divididas en líneas con SG cosmético (SGC) si el contenido de clorofila a los 75 ddff era significativamente mayor de cero y verdaderas NSGT cuando esta premisa no se cumplía.

3.1.3.2 Comparación de medias e identificación de líneas con SG funcional precoz.

Dentro de cada grupo de líneas, se estableció una nueva clasificación de las líneas identificadas en el apartado anterior como NSGT en dos grupos: líneas SG funcional precoz (SGFP) y líneas no SG precoz (NSGP). Las líneas identificadas como SGFP fueron aquellas que alcanzaron valores de fotosíntesis a los 60 ddff similares a los de las líneas que se identificaron como SGFT en el apartado anterior, mientras las líneas NSGP presentaron valores de fotosíntesis a los 60 ddff menores que las líneas SGFT.

3.1.3.3 Comparación entre líneas con SG funcional y no funcional.

Las medias de las líneas SGFT fueron comparadas frente a las NSGT (incluyendo SGC y NSGT); además, las medias de las líneas SGFT fueron comparadas frente a las NSGP (incluyendo SGC y NSGP); y finalmente, se compararon las medias de las líneas SGFP con las medias de las líneas SGFT y NSGP para los cuatro grupos de líneas evaluadas, utilizando la mínima diferencia significativa (MDS) protegida de Fisher al 5% de probabilidad (Steel *et al.*, 1997).

3.2 MAPEO DE QTL ASOCIADOS A LA SENESCENCIA EN UNA POBLACIÓN MULTIPARENTAL

3.2.1 Material vegetal

En este estudio, se utilizaron 672 líneas puras recombinantes (RIL) procedentes de la variedad sintética 21 (EPS21). EPS21 fue obtenida en la Misión Biológica de Galicia (CSIC) mediante cruzamiento convergente en 1997, seguido por seis generaciones de recombinación (para romper el desequilibrio de ligamiento) y seis generaciones de autofecundación. Esta variedad está compuesta por ocho líneas puras (EP17, EP43, EP53, PB60, PB130, F473, EP125 y A509) que no están emparentadas con la población Reid (Tabla 3.2), originada en la faja maicera de Estados Unidos de América (Butrón *et al.*, 2009; 2003), que fueron utilizadas como testigos.

Tabla 3.2 Características físicas, pedigrí y origen de ocho líneas puras de maíz, incluidas en la formación de la variedad sintética EPS21 y usadas como testigos en la evaluación.

| Líneas | Color y tipo de grano | Pedigrí ^a | Origen |
|--------|-----------------------|-----------------------|----------------|
| EP17 | Amarillo, liso | A1267 | España |
| EP43 | Amarillo, liso | Parderrubias | España |
| EP53 | Amarillo, liso | Laro | España |
| PB60 | Amarillo, liso | Nostrano dell'Isola | Italia |
| PB130 | Amarillo, liso | Rojo Vinoso de Aragón | España |
| F473 | Blanco, liso | Doré de Gomer | Francia |
| EP125 | Amarillo, dentado | Selección de CO125 | Estados Unidos |
| A509 | Amarillo, dentado | A78 × A109 | Estados Unidos |

^a Poblaciones locales

3.2.2 Datos fenotípicos

Las 672 RIL junto con las ocho líneas progenitoras (testigos) fueron evaluadas en Salcedo-Pontevedra (42° 24' N, 8° 38' O y 20 m de altitud) durante los años 2014 y 2015. Los ensayos, sembrados manualmente, se dispusieron en diseños aumentados modificados con 16 bloques y 50 líneas dentro de cada bloque (42 RIL más 8 testigos). Las parcelas experimentales estuvieron constituidas por un surco con 17 plantas cada uno y ocuparon una superficie de 2,45 m². Se sembraron dos semillas por golpe a una distancia de 0,18 m entre plantas y 0,80 m entre surcos. Después del aclareo, que dejó una planta por golpe, la densidad final fue de 70.000 plantas · ha⁻¹.

Se registraron datos de caracteres fisiológicos y agronómicos. Dependiendo del carácter, los datos hacen referencia a cada unidad experimental (parcela) y a plantas individuales dentro de la parcela. En este último caso, se tomaron datos en tres plantas con competencia completa, obteniéndose valores promedios para cada carácter. Todas las medidas de los caracteres fisiológicos fueron realizadas en floración femenina y senescencia (60 días ddf), en la parte central de la lámina de la hoja en cuya axila se encuentra la mazorca. Entre los caracteres fisiológicos se evaluaron:

- Índice de clorofila (CLO_1 y CLO_2): esta variable fue tomada utilizando un medidor de clorofila (CCM200 Opti-Sciences, Inc., USA). Éste mide la relación entre la radiación transmitida a través de la hoja en dos longitudes de onda (940 y 660 nm) y muestra el Índice del Contenido de Clorofila (CCI, por sus siglas en inglés *Chlorophyll Content Index*).
- Fluorescencia clorofílica mínima (F₀_1 y F₀_2) y rendimiento cuántico potencial o máximo del Fotosistema II (F_v/F_m_1 y F_v/F_m_2): estos caracteres fueron medidos en hojas adaptadas a la oscuridad, utilizando el analizador portátil de fluorescencia clorofílica OS-30p (Opti Sciences, Inc., USA) y expresado en valores adimensionales.
- Aspecto visual (ASP_1 y ASP_2): esta variable fue estimada para cada línea, de acuerdo a una escala visual subjetiva, desde 1 (hojas muertas) a 5 (hojas completamente verdes y saludables).

Los caracteres agronómicos evaluados fueron: días a la floración femenina (DFF) y rendimiento de grano por planta (RG); estas variables fueron evaluadas utilizando la metodología y fórmulas previamente descritas en el apartado 3.1.2.

3.2.3 Datos genotípicos

Las ocho líneas progenitoras (Tabla 3.1) y las 672 RIL fueron genotipadas por secuenciación (GBS, por sus siglas en inglés *Genotyping by Sequencing*) con un total de

955.690 SNP, posicionados de acuerdo al genoma de referencia de maíz B73 (RefGen v2). Estos SNP fueron filtrados usando el programa Tassel versión 5.2.40; posteriormente, se seleccionaron los SNP polimórficos y fueron secuenciados en al menos el 95% de las RIL. Para eliminar SNP monomórficos o con alelos raros, se estableció una frecuencia para el alelo menor, mínimo del 5%. Además, se eliminaron los SNP con más de dos alelos, deleciones e inserciones. Los genotipos (RIL y parentales) con SNP heterocigotos fueron considerados como datos perdidos en el análisis. Después del filtrado, se generó una base de datos con 465 RIL (líneas comunes en las dos localidades) y siete parentales con un total de 224.363 SNP, que fueron utilizados en los análisis posteriores.

3.2.4 Análisis estadísticos de datos fenotípicos

Para cada carácter estudiado se realizó un análisis de varianza por ambiente y combinado para los dos ambientes, con el procedimiento de modelos mixtos (PROC MIXED) del paquete estadístico SAS (SAS Institute, 2015). Para el análisis de varianza combinado, se consideraron las líneas como efectos fijos y los ambientes y los bloques como efectos aleatorios. Se obtuvo el mejor estimador lineal no sesgado (BLUE, del acrónimo en inglés *Best Liner Unbiased Estimator*) para cada variable, con la finalidad de estimar el valor fenotípico medio de cada línea en cada ambiente y entre ambientes.

En base a las medias del análisis combinado previamente calculadas en las líneas, se estimaron las heredabilidades (h^2) para cada carácter siguiendo a Holland *et al.* (2003). Además, se estimaron las correlaciones genéticas (r_g) y las correlaciones fenotípicas (r_p) entre pares de caracteres, siguiendo el procedimiento descrito por Holland (2006).

El análisis de los datos fenotípicos de las líneas parentales se realizó separadamente usando el programa PROC MIXED del paquete estadístico SAS (SAS Institute, 2015), considerando las líneas parentales como efectos fijos, mientras que ambientes y bloques fueron considerados efectos aleatorios. Las comparaciones entre medias fueron realizadas utilizando la mínima diferencia significativa (MDS) protegida de Fisher al 5% de probabilidad.

3.2.5 Análisis de asociación

El análisis de asociación basado en el modelo lineal mixto (MLM) fue realizado en el programa informático Tassel 5.2.40 (Bradbury *et al.*, 2007). El MLM utilizado por Tassel fue:

$$y = X\beta + Z\mu + e$$

Donde y es el vector de los fenotipos (BLUE de las RIL), β es un vector de efectos fijos, incluyendo el marcador SNP testado, μ es un vector de efectos aditivos aleatorios (líneas), X y Z representan matrices de diseño que relacionan y con β y μ , respectivamente, y e es un vector de residuos aleatorios. Las varianzas de las líneas aleatorias fueron modeladas como:

$$Var(\mu) = K\sigma_a^2$$

Donde K es la matriz $n \times n$ de coeficientes de parentesco y σ_a^2 es la varianza genética aditiva estimada (Yu *et al.*, 2006).

3.2.6 Construcción de la matriz de parentesco genético

Para evitar falsas asociaciones se construyeron las matrices de parentesco genético (K o kinship dominante centralizada), usando el programa Tassel 5.2.40.

Las estimas de la máxima verosimilitud restringida de los componentes de la varianza fueron obtenidas utilizando la opción de *nivel de compresión óptimo* o *MLM comprimido* y la opción de los *parámetros de población previamente determinados* (P3D) descritas por Zhang *et al.* (2010b) e incluidas en Tassel 5.2.40.

3.2.7 Umbral de significancia

Para considerar un SNP significativamente asociado a un carácter se determinó previamente el umbral de significación, usando la siguiente fórmula:

$$p = \text{nivel de significación del experimento/número de comparaciones independientes}$$

El número de comparaciones independientes fue calculado en base al número de SNP que segregaron independientemente, utilizando el programa Haploview (Barrett *et al.*, 2004). Para determinar si dos SNP son independientes se aplicó la regla de los cuatro gametos con una probabilidad del 20% (Wang *et al.*, 2002). En este estudio se eligió el 30% como nivel de significación.

3.2.8 Desequilibrio de ligamiento, selección de genes candidatos y cálculo de efectos aditivos de los haplotipos.

Usando el método de columna vertebral sólida (del inglés *solid spine*) de desequilibrio de ligamiento (LD, por sus siglas en inglés *Linkage Disequilibrium*) del programa Haploview se determinaron los bloques de ligamiento en las regiones que contenían cada uno de los SNP significativamente asociados con caracteres relacionados al SG y/o caracteres agronómicos. Este método definió bloques de LD en los que el primer y último marcador del bloque se encuentran en fuerte LD con todos los marcadores intermedios; sin embargo, estos marcadores intermedios no están necesariamente en LD entre sí (Barrett, 2009).

Dentro de los bloques de LD antes mencionados, se buscaron genes candidatos (no mayores de 1 Mbp) en la base de datos MaizeGBD (Harper *et al.*, 2011). Cada bloque de ligamiento se consideró como un QTL asociado significativamente al carácter de interés. La selección de los genes candidatos dentro de cada QTL se hizo en base a publicaciones existentes y de todos los genes posibles dentro de un bloque se eligió como gen candidato al más cercano al SNP, mientras que los genes restantes fueron considerados genes de interés involucrados en la senescencia.

Los efectos aditivos de cada haplotipo fueron calculados sumando los valores fenotípicos de los haplotipos que mostraron valores mayores para el carácter y restando los valores fenotípicos de los haplotipos que mostraron valores menores para dicho carácter.

3.3 ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DE LÍNEAS PURAS DE MAÍZ DURANTE LA SENESCENCIA

3.3.1 Material vegetal

Para estudiar la expresión génica durante la senescencia se evaluaron en campo y analizaron mediante RNA-Seq siete líneas puras de maíz públicas: NC292 (Nelson *et al.*, 2016), PHBB3 con número de protección “PVP” 9400089 (PVP, por sus siglas en inglés *Plant Variety Protection*), PHT10 (PVP 008800214), PHW52 (PVP 008800215), PHHB9 (PVP 009300108), PA8637 (N28XPA887P), PA887P C5 y PHW79 (PVP 008800220). Las líneas fueron elegidas porque diferían en las características de la senescencia, aunque florecían a la vez. En relación

al tiempo de senescencia, estas líneas fueron divididas en tres grupos (Tabla 3.3): senescencia temprana (ES), media (MS) y tardía (LS).

Tabla 3.3 Líneas puras de maíz agrupadas en función del tiempo de senescencia evaluadas en diferentes momentos.

| Senescencia | Línea | Momentos de evaluación (ddff) | | | | | | |
|-------------|--------|-------------------------------|----|----|----|----|----|----|
| | | FF | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| Temprana | NC292 | | | | | | | |
| | PHBB3 | | | | | | | |
| Media | PHT10 | | | | | | | |
| | PHW52 | | | | | | | |
| | PHHB9 | | | | | | | |
| | PA8637 | | | | | | | |
| Tardía | PHW79 | | | | | | | |

ddff: días después de la floración femenina; FF: floración femenina

3.3.2 Datos fenotípicos

Las siete líneas fueron evaluadas en un diseño de bloques completos al azar (DBCA) con dos repeticiones en Salcedo-Pontevedra (42° 24' N, 8° 38' O y 20 m de altitud) durante el año 2015. El ensayo fue sembrado manualmente en el campo y cada parcela experimental constó de 300 plantas, representadas por tres surcos de 50 golpes cada uno. Se sembraron dos semillas por golpe a una distancia de 0,21 m entre plantas y 0,80 m entre surcos. Tras al aclareo, se dejó una planta por golpe obteniéndose una densidad final de 60.000 plantas · ha⁻¹.

En este estudio, se evaluaron únicamente caracteres fisiológicos de cada línea, desde la floración y cada 15 días hasta la senescencia. Todas las medidas fueron realizadas en la parte central de la hoja en cuya axila se encontraba la mazorca, en cinco plantas tomadas al azar (a excepción de la tasa fotosintética que se midió en tres plantas). Los caracteres estudiados fueron: índice de clorofila (CLO), rendimiento cuántico máximo del fotosistema II (F_v/F_m) y tasa fotosintética (FOT); los cuales fueron medidos usando los equipos y lineamientos descritos en el punto 3.1.2.

3.3.3 Extracción y secuenciación de RNA

Para la extracción de RNA, se recolectó una muestra de hoja de cada línea en las dos repeticiones en cada tiempo (floración femenina, 15, 30, 45, 60, 75 y 90 ddff). Se tomaron aproximadamente 10 cm² de la parte central de la hoja en cuya axila se encontraba la mazorca (en cinco plantas elegidas al azar) e inmediatamente congelado en nitrógeno líquido y conservado a -80 °C en un ultracongelador. Se tomaron 100 mg de tejido fresco perteneciente a cada muestra para la extracción de RNA total, utilizando el kit Maxwell® 16 LEV Plant RNA (Promega) en un Maxwell® 16 Instrument (AS2000) y siguiendo las instrucciones técnicas sugeridas por el fabricante. Para la homogeneización, el tejido se situó en un microtubo (QIAGEN no. catálogo 19560) con 600 µl de solución fría de homogeneización/tioglicerol y una bola de tungsteno de 3mm (QIAGEN no. catálogo 69997). La homogeneización se llevó a cabo en un molino TissueLyser (QIAGEN) durante dos turnos de molido de 2 min a 30 HZ. Se mezclaron las muestras durante 30-60 segundos y se colocaron en hielo. Se transfirieron 400 µl del homogeneizado a otro eppendorf usando una punta cortada. Se añadieron 200 µl de buffer de Lysis al homogeneizado y se mezcló vigorosamente durante 15 segundos. Se incubó a temperatura ambiente durante 10 min y, a continuación, se centrifugó a máxima velocidad

durante 2 min. Se prepararon los cartuchos en el rack sacándoles el papel protector, añadiendo 5 µl de DNase a los pocillos en posición 4 de cada uno de los cartuchos y colocando una punta en el pocillo 8 de dichos cartuchos. Se transfirió el sobrenadante recogido después de la centrifugación al pocillo número uno de cada cartucho, intentando no transferir ningún material sólido. Se colocó el rack con los cartuchos en el Maxwell® 16 Instrument y se seleccionó el método de RNA “Simply RNA”.

Para la construcción de librerías mRNA se utilizaron un total de 75 muestras de RNA. Se cuantificó y comprobó la calidad de estas muestras de RNA en un bioanalizador Agilent 2100, utilizando el kit Agilent RNA 6000. El kit Illumina's TruSeq Stranded mRNA Library Prep, fue usado para preparar las librerías, siguiendo estrictamente las instrucciones del fabricante. Las muestras fueron añadidas por duplicado para la demultiplexación post-secuenciación. A continuación, se verificó la distribución del tamaño de los fragmentos y la concentración de las librerías en el bioanalizador Agilent 2100 (utilizando el kit Agilent DNA 1000). Posteriormente, las librerías se agruparon en cantidades equimolares de acuerdo con los resultados del bioanalizador. Las mezclas obtenidas fueron secuenciadas en la plataforma HiSeq 4000 PE100. Finalmente, se obtuvieron 900 lecturas sin procesar en formato Fastq para los análisis (seis replicas técnicas de ADN *forward* y *reverse* por muestra, 75 muestras y dos repeticiones biológicas).

3.3.4 Análisis de datos de RNA-Seq sobre múltiples momentos e identificación de genes diferencialmente expresados

Para evitar contaminaciones en las lecturas de las 75 muestras, se realizó el control de calidad de las mismas usando el Programa FastQC (Andrews, 2017). Los adaptadores contenidos en las lecturas fueron eliminados con el programa Cutadapt (Martin, 2011). Una vez que las lecturas fueron filtradas y limpiadas, estas fueron alineadas o mapeadas al genoma de referencia de maíz B73 AGPv4 (ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/plants/release-34/fasta/zea_mays/dna/), usando las herramientas Bowtie 2, versión 2.3.0 (Langmead y Salzberg, 2012) y Tophat, versión 2.1.1 (Trapnell *et al.*, 2009; 2012). En el alineamiento de las lecturas se permitió un máximo de dos desajustes. El conteo de lecturas por genes se realizó con el programa HTSeq-count y sólo se contaron las lecturas mapeadas inequívocamente a un solo gen, por tanto, se descartaron las lecturas mapeadas a múltiples posiciones o solapadas con más de un gen (Anders *et al.*, 2015).

En la identificación de genes diferencialmente expresados (GDEs) durante la senescencia de la hoja de maíz se utilizó la herramienta DESeq incluida en el paquete Bioconductor del programa R (Anders *et al.*, 2013; Gentleman *et al.*, 2004), que estima el factor de normalización por la mediana de los recuentos escalados (similar a la normalización de 75 percentil) (Kvam *et al.*, 2012). La normalización de los niveles de expresión génica se basó en la distribución binomial negativa y los resultados se expresaron como lecturas o fragmentos por kilobase por millón mapeado (RPKM o FPKM, por sus siglas en inglés *Reads or Fragments Per Kilobase per Million*) (Mortazavi *et al.*, 2008). Se hicieron seis comparaciones entre puntos de evaluación empleando los datos de floración femenina como control (floración femenina frente a 15, 30, 45, 60, 75 y 90 ddff, respectivamente). La significación del análisis de expresión génica se halló utilizando como criterio el número de veces cambiado o “*fold change*”, siendo ≥ 2 o $\leq 0,5$ para una regulación positiva (UP) o negativa (Down), respectivamente; los GDEs en, por lo menos, una comparación fue considerado como diferencialmente expresado durante la senescencia de la hoja. Para la anotación de los genes se empleó la base de datos del genoma de maíz de B73 AGPv3.

Posteriormente, clasificamos los genes de acuerdo al primer momento en el cual se detectó expresión diferencial significativa con respecto a la floración femenina utilizando dos métodos. En el primer método, las variables fueron ordenadas y expresadas en tiempo respecto a la senescencia (es decir, 15, 30, 45, 60, 75 días antes de la senescencia, DAS); y usamos como criterio de consistencia entre líneas los siguientes parámetros: para datos de 15, 30 y 45 DAS se consideraron los genes consistentes en cinco de las siete líneas; para datos de 60 DAS nos quedamos únicamente con genes presentes en tres de cinco líneas; y, para datos de 75 DAS se conservaron los genes que fueron consistentes en tres de cuatro líneas. Como segundo método, y para asegurar la eficiencia en la selección de los genes, se realizó un análisis de rutas dinámicas (es decir, los cambios continuos de la expresión), usando un FDR (del inglés, *False Discovery Rate*) = 1, aplicando la herramienta EBSeq-HMM del paquete Bioconductor del programa R, con la finalidad de discriminar los genes que no fueron constantes y quedarnos solamente con los genes que presentaron una probabilidad posterior Bayesiana $> 0,5$ en caso de seguir el perfil *up-up-up* o *down-down-down*. EBSeq-HMM es un método empírico Bayesiano conocido como el modelo oculto autorregresivo de Markov. Este modelo fue implementado para ajustar la dependencia de la expresión génica frente a condiciones ordenadas (Leng y Kendzioriski, 2014).

3.3.5 Ontología de genes y análisis de enriquecimiento de rutas

Se analizaron tanto los genes comunes como los genes consistentes identificados en este estudio. El análisis de enriquecimiento de términos de ontología genética (GO, por sus siglas en inglés *Gene ontology*) se realizó en la plataforma web PlantRegMap, usando el programa topGO y la prueba exacta de Fisher's, para determinar la significación estadística para el conjunto de genes introducidos (Jin *et al.*, 2017). Para el análisis de enriquecimiento de rutas se aplicó la prueba exacta de Fisher's con un umbral de valor de $p \leq 0,05$, siguiendo el procedimiento de Benjamini y Hochberg (1995). Además, se introdujeron los términos GO identificados anteriormente en la plataforma BGI WEGO para generar el gráfico de la anotación GO (Ye *et al.*, 2006).

3.3.6 Predicción de factores de transcripción

Inicialmente, se descargaron desde la base de datos de factores de transcripción, versión 4 (PlantTFDB v4.0) (Jin *et al.*, 2017) 3308 factores de transcripción (TFs, por sus siglas en inglés *Transcription Factors*) anotados en el genoma del maíz y clasificados dentro de 56 familias que se compararon con todos los genes seleccionados en este estudio (comunes y consistentes) utilizando el programa R. La asignación de las familias se realizó siguiendo las reglas y umbrales determinados por los métodos establecidos en la plataforma web PlantTFDB. Esta web empleó ESTScan 3.0 para identificar las regiones codificantes de las secuencias de los ácidos nucleicos introducidos y posteriormente traducidos a secuencias de proteínas (proteoma). Además, la web empleó el programa HMMER 3.0 para identificar los sitios o dominios de unión del ADN a partir del conjunto de datos del proteoma anterior.

3.3.7 Análisis de motivos

La identificación de motivos co-reguladores dentro de las regiones reguladoras 5' de los TFs identificados en la presente investigación se realizó en la plataforma web Promzea (Liseron-Monfils *et al.*, 2013). Esta plataforma procesó predicciones de motivos basados en los paquetes de los programas Weeder (Pavesi *et al.*, 2007), MEME (Bailey y Elkan, 1994) y BioProspector (Liu *et al.*, 2001), cada uno de los cuales empleó una estrategia única para el descubrimiento de motivos. Promzea calculó la probabilidad media normalizada condicional

(MNCP, por sus siglas en inglés *Mean Normalized Conditional Probability*) para cada motivo (Clarke y Granek, 2003). Se eligió un valor de 1000 como tamaño del promotor y una puntuación de MNCP >1. Además, para comparar los motivos identificados en este estudio con las bases de datos de motivos promotores conocidos se usó la plataforma STAMP (Mahony y Benos, 2007). Finalmente, se buscaron las cinco mejores coincidencias de cada uno de los motivos identificados en la base de datos de plantas AGRIS, usando los parámetros de alineación predeterminados.

3.3.8 Predicción de parejas de factores de transcripción y sitios de unión de factores de transcripción

La identificación de parejas de factores de transcripción y sitios de unión de factores de transcripción (TF-TFBS, por sus siglas en inglés *Transcription Factor-Transcription Factor Binding Site*) se realizó aplicando tres métodos y utilizando únicamente los genes consistentes identificados en cada momento. En el primer método, se introdujeron las secuencias de los promotores de cada gen en formato FASTA en la plataforma web PlantRegMap. En este caso, se utilizó una posición de fondo en relación con el sitio de inicio de la transcripción (TSS, por sus siglas en inglés *Transcription Start Site*) de los genes de -499 a +100 pares de bases y un umbral del valor de p para la predicción del sitio de unión $\leq 1^{-5}$ (Jin *et al.*, 2017).

En el segundo método, se introdujeron los nombres de los genes en la plataforma PlantPan 2.0 (del inglés *Plant Promoter Analysis Navigator*), usando los valores predeterminados de la página (aguas arriba de -1000 a +100 pares de bases) (Chow *et al.*, 2016).

Finalmente, en el tercer método se utilizaron los motivos significativos ($<10^{-5}$) identificados anteriormente por STAMP y AGRIS. Para el efecto, se descargó la secuencia (formato FASTA) de los genes reconocidos en Arabidopsis, desde el sitio web del NCBI (del inglés *National Center for Biotechnology Information*) y se convirtieron en BLAST (del inglés *Basic Local Alignment Search Tool*) en la web MaizeGDB. La conversión se realizó frente a la secuencia del genoma de B73 (RefGen_v3) usando el programa Blastn, un valor de corte de 1^{-4} y un porcentaje de identidad mayor al 90% (Andorf *et al.*, 2015).

3.3.9 Validación de genes mediante la prueba PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR)

3.3.9.1 Material biológico para análisis de RT-PCR en tiempo real.

Se utilizaron los ARNs previamente extraídos para hacer el RNA-Seq. Dichos ARNs pertenecían a tejido de hoja recogido en distintos momentos a lo largo de la maduración de la planta hasta su senescencia (0, 15, 30, 45, 60, 75 and 90 días desde la floración) de las líneas PHT10 Y PHW79. En todos los casos se usaron dos réplicas biológicas. En resumen, se analizaron por qRT-PCR un total de 24 muestras de ARN.

3.3.9.2 Síntesis de ADNc.

Para la síntesis del ADNc se utilizó GoScript(TM) Reverse Transcription System (Promega Corp.), que fue añadida a 500ng de ARN total, siguiendo el protocolo sugerido por el fabricante. Asimismo, se añadió Recombinant RNasin® Ribonuclease Inhibitor a la reacción para impedir inhibiciones causadas por moléculas inhibitoras presentes en las muestras biológicas.

3.3.9.3 Selección de genes y diseño de promotores (primers).

Se seleccionaron tres genes referencia para la normalización de la expresión génica en maíz: ZmUbiq (3'UTR-ZmUbiquitin), maize-18S- rRNA y Actina. Como genes diana se seleccionaron trece genes entre todos aquellos que mostraron diferencias estadísticamente significativas entre las muestras analizadas para el RNA-Seq. El 60 % de los genes seleccionados presentaron expresión progresiva constante (*Up* o *Down*, independientemente), mientras que el 40% restante presentaron comportamiento variable. Las secuencias de los promotores o primers utilizados para analizar dichos ARNs se recoge en la tabla 3.4.

Tabla 3.4 Genes de referencia, genes diana y secuencias de los primers utilizados en la validación de genes identificados mediante RNA-Seq.

| Nombre | Secuencia | Observaciones |
|-----------------|-------------------------------|-------------------|
| Fw-ZmUbiq | TAAGCTGCCGATGTGCCTGCGTCG | RT-PCR_CONTROL |
| Rv-ZmUbiq | CTGAAAGACAGAACATAATGAGCACAGGC | RT-PCR_CONTROL |
| 18S Rrna-F | CCATCCCTCCGTAGTTAGTTCT | RT-PCR_CONTROL |
| 18S Rrna-R | CCTGTCGGCCAAGGCTATATAC | RT-PCR_CONTROL |
| Actina_F | CTGTTCTTTCGTTGTACGCTAGTG | RT-PCR_CONTROL |
| Actina_R | GGAACCGTGTGGCTCACA | RT-PCR_CONTROL |
| GRMZM2G054387_F | CGGTGCTGAGGATAATGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G054387_R | ATGGCGTACCTGTTGTTC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G128981_F | AGCAAGCAAGCAGCACAAAC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G128981_R | GTCGCAACCAGATAGTTCAAGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G038636_F | CCAGTTAGTGTTGCCTTC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G038636_R | GTTCTTGATGAGCCAGTAG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G330945_F | GTAGTGATGGCGGTAATAACG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G330945_R | CCATGAGACGCTGAGAGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G036921_F | GCGTGGAAGGAGAGTCTGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G036921_R | ACGGGCTTGTCGGAGAGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G018579_F | ACCTCAGACAAACCCATC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G018579_R | ACCATGTGTAGTCCTAAGC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G355752_F | CAGCCGTACAGGGAAAGC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G355752_R | CGAACGCATACACTCCAATG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G053206_F | GTCCACCTCCCTCTACAC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G053206_R | TGCCGTGTTGTTCTTGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G166281_F | TCATCAACAATGGCGGAATCG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G166281_R | GCAGACTCTTCTCATCGTTTCG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G048472_F | CGGTTAGGGCAAAAGAAGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G048472_R | GCGGCAAGTAGTGAATGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G175071_F | GAAGAGACTGGTGAATCAAAGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G175071_R | AGATATGTTGGTTCCGTGAGG | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G033885_F | CCCTACAGCGAGGTGTTC | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G033885_R | GAGCGTCGAGATGGAGAA | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G302604_F | AAGAAGAGCAACGTCAAGTA | RT-PCR_STAY GREEN |
| GRMZM2G302604_R | AGAGACTGATGATGCCTATC | RT-PCR_STAY GREEN |

Para verificar la especificidad de los primers, se revisaron, en las muestras seleccionadas, todos los genes, diana y referencia, empleando amplificación por PCR y examinando los fragmentos en geles de agarosa. También se calcularon las eficiencias de las qPCR para cada uno de los genes analizados. Estos cálculos se hicieron a partir de las pendientes de las curvas estándar derivadas de la amplificación de los fragmentos analizados. Para ello se utilizó el programa LinRegPCR V12.17 (Ruijter *et al.*, 2009; Tuomi *et al.*, 2010). La estabilidad de los genes referencia entre las muestras analizadas se evaluó utilizando un análisis BestKeeper basado en Excel y que utiliza correlaciones apareadas, siguiendo el procedimiento recogido en Pfaffl *et al.* (2004).

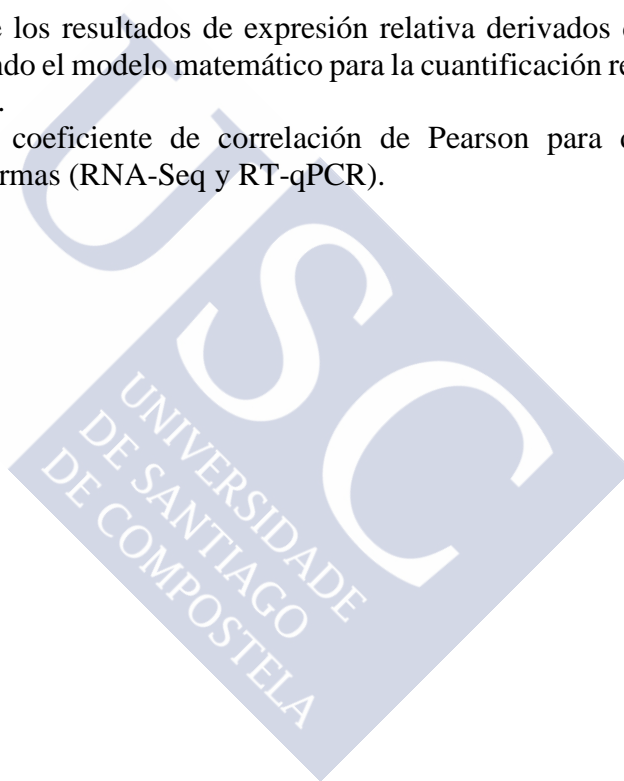
3.3.9.4 qPCR.

Las reacciones de PCR en tiempo real se realizaron en un ABI 7500 real-time PCR system (Applied Biosystems, Foster City, CA). Para la amplificación de los fragmentos seleccionados se usó la Master Mix GoTaq(R) qPCR (Promega Corp.). Cada reacción de PCR tuvo un volumen final de 20 μ l y estuvo compuesta por 1 μ l de cDNA diluido (1:5), 12,5 μ l de Master Mix GoTaq(R) qPCR y 0,7 μ l de cada primer *forward* y *reverse* (con una concentración final en la reacción de 0,875 μ M). Las posibles variaciones debidas al procedimiento experimental fueron estimadas analizando tres réplicas de cada muestra.

El programa de amplificación usado fue de 95 ciclos durante 5 min; 40 ciclos de 10 s a 95°C, 20 s a una temperatura de hibridación optimizada para cada par de primers (desde 53 a 58°C) y 10 s a 72°C. Se confirmó la amplificación correcta de un sólo fragmento de ADN en todas las muestras analizando las curvas de melting para cada muestra. La curva de melting se generó tras un programa de temperaturas donde se incrementa la temperatura 0,5°C por ciclo, desde los 60 hasta los 95°C.

Los análisis estadísticos de los resultados de expresión relativa derivados de la PCR en tiempo real se realizaron utilizando el modelo matemático para la cuantificación relativa en RT-PCR descritos por Pfaffl (2001).

Finalmente, se calculó el coeficiente de correlación de Pearson para determinar la correlación entre las dos plataformas (RNA-Seq y RT-qPCR).





RESULTADOS



4 RESULTADOS

4.1 ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA SENESCENCIA

En el presente estudio se plantearon los siguientes objetivos: determinar cómo afecta la senescencia funcional al rendimiento y demás caracteres de las líneas dentro de los cuatro grupos evaluados; determinar si el SG es funcional o no para cada línea dentro de cada grupo; y, clasificar las líneas por el tipo de SG que presenten dentro de cada grupo.

4.1.1 Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia precoz.

Los resultados del análisis de varianza combinado mostraron diferencias significativas ($P \leq 0,01$ y $P \leq 0,05$) entre líneas para todos los caracteres evaluados. De las 20 líneas de senescencia precoz evaluadas, nueve presentaron SG funcional; y de éstas, cuatro fueron identificadas como SGFT (valores de fotosíntesis a los 75 ddff significativos) y cinco como SGFP (valores altos de fotosíntesis a los 60 ddff); las 11 líneas restantes fueron NSG, que incluyen a las líneas con SGC (75 ddff) y NSGP (bajos valores de fotosíntesis a los 60 ddff) (Tablas 4.1, 4.2 y 4.3). A partir de aquí se hará referencia a las líneas con SGFT y SGFP como líneas con SG funcional y a las líneas NSGP y SGC como líneas sin SG funcional (NSG).

Además, al realizar la comparación de medias entre líneas con SG funcional y no funcional (SGFT-NSGT, SGFP-SGFT, SGFP-NSGP y SGFT-NSGP) se encontraron diferencias significativas en la mayoría de caracteres evaluados, a excepción de la tasa fotosintética en floración, número de hileras de granos en la mazorca y relación entre el rendimiento de grano y rendimiento de biomasa (Tablas 4.1, 4.2 y 4.3).

El rango de producción de grano de las líneas con SG funcional varió desde 2,08 hasta 4,71 $t \cdot ha^{-1}$; mientras que las líneas NSG presentaron promedios menores a las 3,02 $t \cdot ha^{-1}$. El rendimiento promedio de las líneas SG funcional fue de 3,27 $t \cdot ha^{-1}$; mientras que, en las NSG fue de 2,28 $t \cdot ha^{-1}$. Las líneas EZ21 (SGFP) y F05405 (SGFT) presentaron los valores más altos de rendimiento de grano con 4,71 y 4,15 $t \cdot ha^{-1}$, respectivamente. Dentro del grupo de líneas NSG, la línea PHR25 fue la más productiva con 3,02 $t \cdot ha^{-1}$ (Tabla 4.2).

Respecto a la humedad del grano, el 75% de las líneas con SGFT presentaron humedad del grano superior a 25%; mientras que el 80% de líneas con SGFP presentaron humedad del grano entre 21 y 22%. Las líneas más productivas, EZ21 y F05405, presentaron valores de 22,5 y 25,5% de humedad. (Tabla 4.2).

En el caso del rendimiento de biomasa, la línea PHK76 (SGFT) fue la más productiva con 3,10 $t \cdot ha^{-1}$ y humedad del 70%, seguido por la línea EZ21 (SGFP) con un rendimiento de 2,89 $t \cdot ha^{-1}$ y humedad del 68%. Por otro lado, la línea NSG PHR25 presentó el mayor rendimiento de biomasa con 1,73 $t \cdot ha^{-1}$ y humedad de 63% (Tabla 4.3).

El contenido de proteína en el grano varió desde 8,69 hasta 12,32%, siendo estos valores superiores al porcentaje de proteína existente en la biomasa, en la cual se observaron valores entre 4,55 y 9,07% (Tablas 4.2 y 4.3).

Las líneas con SG funcional mostraron promedios superiores del índice de clorofila y tasa fotosintética a partir de los 30 ddff en comparación con las líneas NSG (Gráfico 4.1 A, B).

Al comparar el rendimiento de grano con el rendimiento de biomasa se observó que las líneas con SG funcional presentaron valores más altos que las líneas NSG (Gráfico 4.1 C). Por otro lado, en las líneas con SG funcional se encontró una relación directamente proporcional

entre días hasta el llenado del grano y humedad del grano, de modo que a mayor número de días para el llenado del grano mayor humedad presenta el mismo (Gráfico 4.1 D).

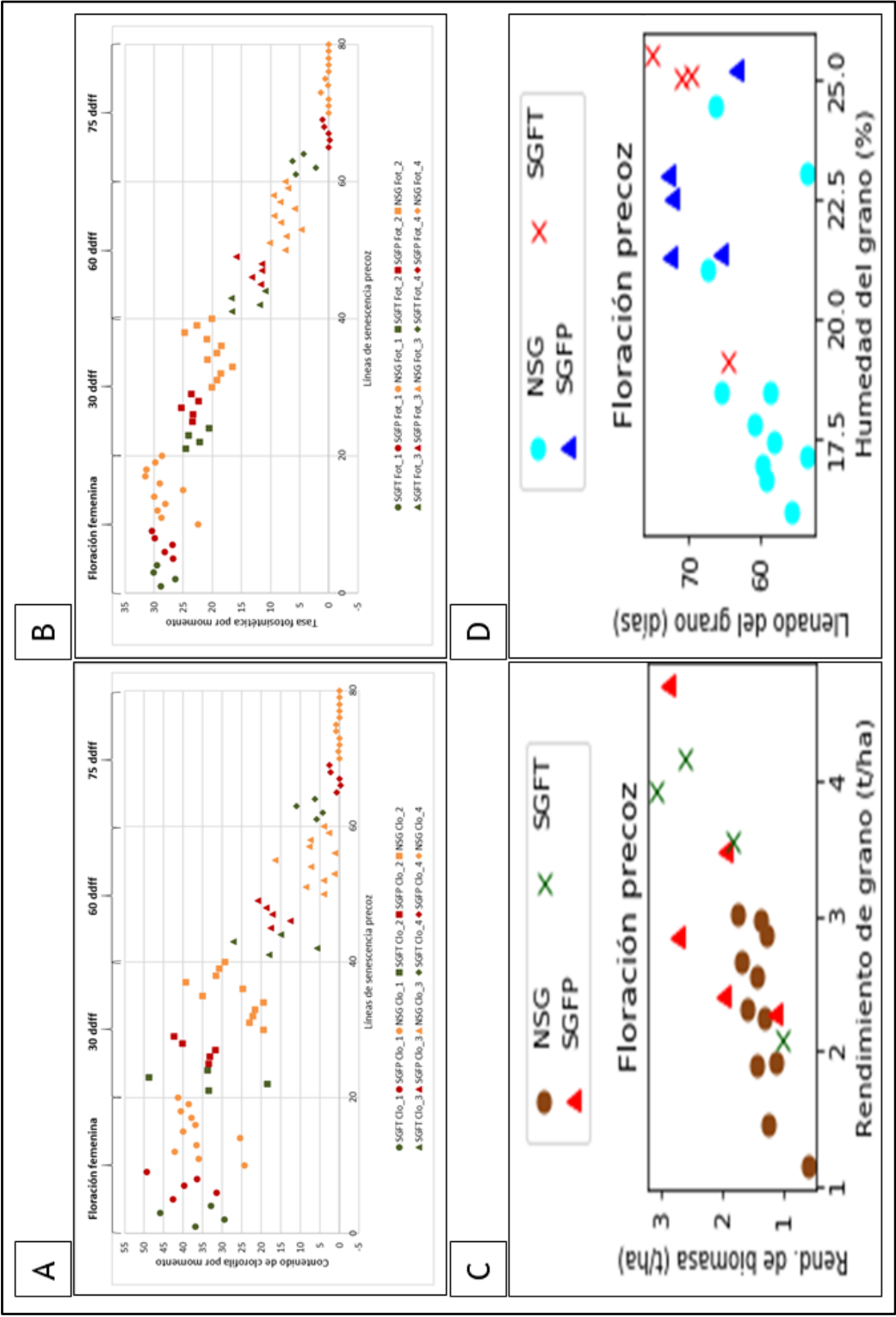


Gráfico 4.1 Disminución progresiva por momento de evaluación y por tipo de Stay Green (SGFT, SGFP y NSG) del índice de clorofila (A) y tasa fotosintética (B); comparación entre rendimiento de grano y rendimiento de biomasa (C); comparación entre llenado de grano y humedad del grano (D), evaluados en 20 líneas puras de maíz de senescencia precoz.

Tabla 4.1 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para dos caracteres fisiológicos, evaluados desde la floración hasta la senescencia en 20 líneas puras de maíz de senescencia precoz.

| Líneas | Caracteres fisiológicos | | | | | | | | SEN | |
|-----------|-------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|------|--|
| | CLO_1 | CLO_2 | CLO_3 | CLO_4 | FOT_1 | FOT_2 | FOT_3 | FOT_4 | SEN | |
| F05405 | 36,94 ± 5,14 ** | 33,45 ± 5,96 ** | 17,98 ± 4,24 ** | 5,80 ± 1,68 ** | 28,87 ± 4,25 ** | 24,58 ± 2,89 ** | 16,65 ± 6,30 * | 5,71 ± 1,09 ** | SGFT | |
| F090 | 29,47 ± 5,14 ** | 18,38 ± 5,96 ** | 5,67 ± 4,25 ** | 4,28 ± 1,68 * | 26,40 ± 4,25 ** | 22,21 ± 2,89 ** | 11,91 ± 6,30 | 2,28 ± 1,09 * | SGFT | |
| PHK76 | 45,87 ± 4,70 ** | 48,82 ± 5,49 ** | 27,17 ± 3,72 ** | 11,00 ± 1,28 ** | 30,11 ± 4,08 ** | 24,04 ± 2,67 ** | 16,78 ± 6,23 ** | 6,24 ± 1,07 ** | SGFT | |
| PHTE4 | 32,89 ± 4,70 ** | 33,77 ± 5,49 ** | 14,97 ± 3,72 ** | 6,32 ± 1,28 ** | 29,50 ± 4,08 ** | 20,58 ± 2,67 ** | 10,90 ± 6,23 | 4,30 ± 1,07 ** | SGFT | |
| EZ21 | 42,64 ± 4,70 ** | 33,43 ± 5,49 ** | 17,60 ± 3,72 ** | 0,71 ± 1,28 | 26,75 ± 4,08 ** | 23,42 ± 2,67 ** | 11,71 ± 6,23 | 0,00 ± 1,07 | SGFP | |
| F564 | 31,44 ± 5,39 ** | 33,24 ± 6,23 ** | 12,55 ± 4,61 ** | -0,27 ± 1,92 | 28,15 ± 4,37 ** | 23,36 ± 3,09 ** | 13,21 ± 6,41 * | -0,13 ± 1,24 | SGFP | |
| PA3401 | 39,79 ± 5,14 ** | 31,77 ± 5,96 ** | 17,21 ± 4,25 ** | 0,00 ± 1,68 | 26,81 ± 4,25 ** | 25,37 ± 2,89 ** | 11,46 ± 6,30 | 0,00 ± 1,09 | SGFP | |
| PA3641 | 36,52 ± 5,14 ** | 40,16 ± 5,96 ** | 18,70 ± 4,25 ** | 2,34 ± 1,68 | 29,91 ± 4,25 ** | 22,40 ± 2,89 ** | 11,45 ± 6,30 | 0,80 ± 1,09 | SGFP | |
| PHFA5 | 49,42 ± 5,38 ** | 42,40 ± 6,22 ** | 20,91 ± 4,61 ** | 2,55 ± 1,92 | 30,35 ± 4,37 ** | 23,57 ± 3,09 ** | 15,85 ± 6,41 * | 1,14 ± 1,24 | SGFP | |
| CR1HT | 24,30 ± 5,14 ** | 19,51 ± 5,96 ** | 3,98 ± 4,25 ** | 0,00 ± 1,68 | 22,50 ± 4,25 ** | 20,04 ± 2,89 ** | 7,52 ± 6,30 | 0,00 ± 1,09 | NSG | |
| EP42 | 36,01 ± 4,70 ** | 22,96 ± 5,49 ** | 8,62 ± 3,72 * | 0,26 ± 1,28 | 28,79 ± 4,08 ** | 19,22 ± 2,67 ** | 10,13 ± 6,23 | 0,00 ± 1,07 | NSG | |
| EZ59 | 42,17 ± 5,14 ** | 22,18 ± 5,96 ** | 3,93 ± 4,25 ** | 0,00 ± 1,68 | 29,47 ± 4,25 ** | 18,58 ± 2,89 ** | 7,30 ± 6,30 | 0,00 ± 1,09 | NSG | |
| EZ79 | 36,61 ± 5,14 ** | 21,60 ± 5,96 ** | 1,28 ± 4,25 | 0,00 ± 1,68 | 28,08 ± 4,25 ** | 16,52 ± 2,89 ** | 4,73 ± 6,30 | 1,36 ± 1,09 | NSG | |
| F030 | 25,48 ± 4,67 ** | 19,41 ± 5,46 ** | 7,36 ± 3,68 | 0,82 ± 1,25 | 29,95 ± 4,07 ** | 20,83 ± 2,65 ** | 8,29 ± 6,23 | 0,18 ± 1,07 | NSG | |
| F106 | 40,12 ± 5,14 ** | 35,07 ± 5,96 ** | 16,46 ± 4,25 ** | 0,86 ± 1,68 | 25,07 ± 4,25 ** | 19,23 ± 2,89 ** | 9,41 ± 6,30 | 0,62 ± 1,09 | NSG | |
| F166 | 36,88 ± 5,15 ** | 24,69 ± 5,96 ** | 1,18 ± 4,25 | 0,00 ± 1,68 | 29,03 ± 4,27 ** | 18,44 ± 2,89 ** | 5,91 ± 6,30 | 0,00 ± 1,09 | NSG | |
| LH160 | 37,86 ± 5,15 ** | 39,30 ± 5,96 ** | 7,69 ± 4,25 ** | 0,00 ± 1,68 | 31,48 ± 4,26 ** | 20,89 ± 2,89 ** | 8,36 ± 6,30 | 0,00 ± 1,09 | NSG | |
| OQ403 | 40,69 ± 4,67 ** | 31,59 ± 5,46 ** | 7,40 ± 3,68 * | 0,00 ± 1,25 | 31,35 ± 4,07 ** | 24,77 ± 2,65 ** | 9,50 ± 6,23 | 0,00 ± 1,07 | NSG | |
| P033 | 38,62 ± 5,14 ** | 30,69 ± 5,96 ** | 2,65 ± 4,24 | 0,00 ± 1,68 | 29,83 ± 4,25 ** | 22,62 ± 2,89 ** | 7,04 ± 6,30 | 0,00 ± 1,09 | NSG | |
| PHR25 | 41,39 ± 4,67 ** | 29,35 ± 5,46 ** | 3,99 ± 3,68 | 0,00 ± 1,25 | 28,62 ± 4,07 ** | 20,12 ± 2,65 ** | 7,47 ± 6,23 | 0,00 ± 1,07 | NSG | |
| SGFT-NSGT | 1,46 ± 1,75 | 9,16 ± 2,07 ** | 10,45 ± 1,86 ** | 7,70 ± 0,67 ** | 0,33 ± 0,80 | 1,56 ± 0,88 | 5,02 ± 0,91 ** | 4,76 ± 0,29 ** | ** | |
| SGFP-SGFT | 1,74 ± 2,27 | -2,89 ± 2,54 | -2,70 ± 2,04 | -7,21 ± 0,87 ** | -0,77 ± 1,01 | 0,58 ± 1,08 | -2,18 ± 1,10 * | -4,62 ± 1,55 | * | |
| SGFP-NSGP | 4,37 ± 1,98 * | 8,57 ± 2,21 ** | 10,63 ± 1,78 ** | 0,68 ± 0,76 | -0,63 ± 0,88 | 2,99 ± 0,94 ** | 3,94 ± 0,95 ** | 0,14 ± 1,54 | * | |
| SGFT-NSGP | 2,63 ± 1,81 | 11,46 ± 2,02 ** | 13,33 ± 1,63 ** | 7,89 ± 0,69 ** | 0,14 ± 0,82 | 2,41 ± 0,87 ** | 6,13 ± 0,89 ** | 4,76 ± 1,53 | * | |

CLO_1, CLO_2, CLO_3, CLO_4 = índice de clorofila evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; FOT_1, FOT_2, FOT_3, FOT_4 = tasa fotosintética ($\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddf); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddf); NSGT = stay green no funcional (75 ddf); NSGP = stay green no funcional (60 ddf); **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.2 Medias, error estándar y comparación de tipos de Stay Green para siete caracteres agronómicos, evaluados en 20 líneas puras de maíz de senescencia precoz.

| Líneas | Caracteres agronómicos (rendimiento, sus componentes y relacionados con el grano) | | | | | | | SEN |
|-----------|---|-----------------|-----------------|-------------------|-----------------|-----------------|-----------------|------|
| | RG | LONGMZ | NUMHIL | P1000K | LLEGRA | HUMG | PROTG | |
| F05405 | 4,15 ± 0,66 ** | 14,57 ± 0,90 ** | 15,50 ± 0,59 ** | 313,44 ± 21,36 ** | 75,42 ± 2,92 ** | 25,53 ± 1,32 ** | 8,86 ± 0,56 ** | SGFT |
| F090 | 2,08 ± 0,66 ** | 13,01 ± 0,91 ** | 13,98 ± 0,59 ** | 239,79 ± 21,37 ** | 64,54 ± 2,92 ** | 19,08 ± 1,32 ** | 10,44 ± 0,56 ** | SGFT |
| PHK76 | 3,92 ± 0,53 ** | 14,57 ± 0,72 ** | 12,44 ± 0,45 ** | 272,32 ± 20,50 ** | 71,30 ± 2,16 ** | 25,01 ± 1,09 ** | 8,96 ± 0,50 ** | SGFT |
| PHTE4 | 3,54 ± 0,53 ** | 12,40 ± 0,72 ** | 13,57 ± 0,45 ** | 227,12 ± 20,56 ** | 69,75 ± 2,16 ** | 25,08 ± 1,09 ** | 8,69 ± 0,51 ** | SGFT |
| EZ21 | 4,71 ± 0,53 ** | 15,17 ± 0,72 ** | 14,86 ± 0,45 ** | 295,23 ± 20,50 ** | 72,63 ± 2,16 ** | 22,52 ± 1,09 ** | 10,84 ± 0,50 ** | SGFP |
| F564 | 2,40 ± 0,71 ** | 10,86 ± 0,99 ** | 12,80 ± 0,67 ** | 238,18 ± 22,33 ** | 63,52 ± 3,30 ** | 25,21 ± 1,45 ** | 9,32 ± 0,61 ** | SGFP |
| PA3401 | 3,48 ± 0,66 ** | 15,61 ± 0,91 ** | 14,18 ± 0,59 ** | 289,54 ± 21,37 ** | 73,29 ± 2,92 ** | 22,97 ± 1,32 ** | 10,65 ± 0,56 ** | SGFP |
| PA3641 | 2,84 ± 0,66 ** | 15,71 ± 0,90 ** | 11,99 ± 0,59 ** | 275,71 ± 21,37 ** | 65,82 ± 2,92 ** | 21,35 ± 1,32 ** | 10,46 ± 0,56 ** | SGFP |
| PHFA5 | 2,27 ± 0,71 ** | 12,13 ± 0,99 ** | 14,14 ± 0,67 ** | 272,55 ± 22,32 ** | 72,99 ± 3,30 ** | 21,26 ± 1,45 ** | 10,54 ± 0,61 ** | SGFP |
| CR1HT | 2,86 ± 0,66 ** | 13,24 ± 0,91 ** | 12,58 ± 0,59 ** | 200,29 ± 21,37 ** | 60,79 ± 2,92 ** | 17,81 ± 1,32 ** | 9,01 ± 0,56 ** | NSG |
| EP42 | 1,89 ± 0,53 ** | 12,77 ± 0,72 ** | 11,21 ± 0,45 ** | 246,42 ± 20,50 ** | 65,47 ± 2,16 ** | 18,44 ± 1,09 ** | 12,32 ± 0,50 ** | NSG |
| EZ59 | 1,14 ± 0,66 * | 10,92 ± 0,91 ** | 11,11 ± 0,59 ** | 192,53 ± 21,37 ** | 53,34 ± 2,92 ** | 23,05 ± 1,32 ** | 9,30 ± 0,56 ** | NSG |
| EZ79 | 1,46 ± 0,66 * | 12,81 ± 0,99 ** | 12,17 ± 0,67 ** | 157,61 ± 22,33 ** | 59,09 ± 2,92 ** | 16,63 ± 1,32 ** | 10,74 ± 0,61 ** | NSG |
| F030 | 1,92 ± 0,53 ** | 11,96 ± 0,70 ** | 12,93 ± 0,44 ** | 272,42 ± 20,44 ** | 66,25 ± 2,11 ** | 24,45 ± 1,08 ** | 8,83 ± 0,50 ** | NSG |
| F106 | 2,24 ± 0,66 ** | 12,8 ± 0,99 ** | 14,12 ± 0,67 ** | 279,06 ± 22,32 ** | 67,29 ± 2,92 ** | 21,02 ± 1,32 ** | 10,79 ± 0,61 ** | NSG |
| F166 | 2,97 ± 0,66 ** | 14,51 ± 0,91 ** | 12,91 ± 0,59 ** | 213,93 ± 21,37 ** | 55,37 ± 2,92 ** | 15,95 ± 1,32 ** | 9,56 ± 0,56 ** | NSG |
| LH160 | 2,31 ± 0,66 ** | 16,58 ± 0,91 ** | 10,63 ± 0,59 ** | 226,75 ± 21,38 ** | 59,64 ± 2,92 ** | 16,90 ± 1,32 ** | 9,96 ± 0,56 ** | NSG |
| OQ403 | 2,66 ± 0,53 ** | 12,78 ± 0,70 ** | 13,47 ± 0,44 ** | 206,46 ± 20,44 ** | 53,33 ± 2,11 ** | 17,11 ± 1,08 ** | 10,32 ± 0,50 ** | NSG |
| P033 | 2,55 ± 0,66 ** | 13,08 ± 0,90 ** | 13,77 ± 0,59 ** | 215,81 ± 21,36 ** | 58,44 ± 2,91 ** | 18,45 ± 1,32 ** | 9,85 ± 0,56 ** | NSG |
| PHR25 | 3,02 ± 0,53 ** | 12,28 ± 0,70 ** | 17,17 ± 0,44 ** | 235,79 ± 20,44 ** | 57,83 ± 2,11 ** | 17,43 ± 1,08 ** | 9,16 ± 0,50 ** | NSG |
| SGFT-NSGT | 0,72 ± 0,26 ** | 0,41 ± 0,41 | -0,20 ± 0,42 | 10,38 ± 8,37 | 6,39 ± 1,68 ** | 5,25 ± 0,83 ** | -0,96 ± 0,27 ** | ** |
| SGFP-SGFT | 0,30 ± 0,32 | 0,96 ± 0,50 | 0,62 ± 0,55 | 26,83 ± 9,43 | 0,70 ± 1,87 | -2,82 ± 1,03 ** | 1,33 ± 0,36 | ** |
| SGFP-NSGP | 1,39 ± 0,27 ** | 1,85 ± 0,44 ** | 0,58 ± 0,48 | 50,94 ± 8,20 | 9,71 ± 1,62 ** | 3,33 ± 0,90 ** | 0,50 ± 0,31 | ** |
| SGFT-NSGP | 1,08 ± 0,25 ** | 0,90 ± 0,40 * | -0,03 ± 0,44 | 24,11 ± 7,57 | 9,02 ± 1,49 ** | 6,14 ± 0,82 ** | -0,83 ± 0,29 ** | ** |

RG = rendimiento de grano ($t \cdot ha^{-1}$); LONGMZ = longitud de mazorca (cm); NUMHIL = número de hileras de grano en la mazorca; P1000K = peso de mil granos (g); LLEGRA = días transcurrido desde la floración hasta la madurez fisiológica del grano; HUMG = humedad del grano en la cosecha (%); PROTG = contenido de proteína en el grano (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddff); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddff); NSGT = stay green no funcional (75 ddff); NSGP = stay green no funcional (60 ddff); **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.3 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para tres caracteres relacionados con la biomasa, relación entre caracteres de grano y biomasa, evaluados en 20 líneas puras de maíz de senescencia precoz.

| Líneas | Caracteres agronómicos (biomasa) | | | Relación entre grano y biomasa | | SEN |
|-----------|----------------------------------|-----------------|----------------|--------------------------------|----------------|------|
| | RBIO | HUMBIO | PROTBIO | PROTG/PROTBIO | RG/RBIO | |
| F05405 | 2,63 ± 0,54 ** | 71,47 ± 5,98 ** | 6,51 ± 0,69 ** | 1,37 ± 0,13 ** | 1,65 ± 0,34 ** | SGFT |
| F090 | 1,02 ± 0,54 | 62,20 ± 5,98 ** | 6,30 ± 0,69 ** | 1,73 ± 0,13 ** | 2,06 ± 0,34 ** | SGFT |
| PHK76 | 3,10 ± 0,46 ** | 70,22 ± 5,61 ** | 7,00 ± 0,53 ** | 1,31 ± 0,11 ** | 1,40 ± 0,29 ** | SGFT |
| PHTE4 | 1,85 ± 0,46 ** | 70,57 ± 5,61 ** | 7,54 ± 0,54 ** | 1,27 ± 0,12 ** | 1,76 ± 0,29 ** | SGFT |
| EZ21 | 2,89 ± 0,46 ** | 68,65 ± 5,61 ** | 7,90 ± 0,53 ** | 1,41 ± 0,11 ** | 1,73 ± 0,29 ** | SGFP |
| F564 | 2,01 ± 0,58 ** | 70,65 ± 6,33 ** | 7,76 ± 0,76 ** | 1,24 ± 0,15 ** | 1,12 ± 0,39 ** | SGFP |
| PA3401 | 1,96 ± 0,54 ** | 71,02 ± 5,98 ** | 7,89 ± 0,76 ** | 1,45 ± 0,15 ** | 1,73 ± 0,34 ** | SGFP |
| PA3641 | 2,73 ± 0,54 ** | 68,34 ± 5,98 ** | 7,15 ± 0,69 ** | 1,55 ± 0,13 ** | 1,22 ± 0,34 ** | SGFP |
| PHFA5 | 1,16 ± 0,58 | 70,54 ± 6,33 ** | 8,42 ± 0,76 ** | 1,22 ± 0,15 ** | 1,51 ± 0,39 ** | SGFP |
| CR1HT | 1,28 ± 0,54 * | 57,17 ± 5,98 ** | 6,20 ± 0,69 ** | 1,54 ± 0,13 ** | 2,21 ± 0,34 ** | NSG |
| EP42 | 1,43 ± 0,46 ** | 69,65 ± 5,61 ** | 8,55 ± 0,53 ** | 1,52 ± 0,11 ** | 1,35 ± 0,29 ** | NSG |
| EZ59 | 0,60 ± 0,54 | 63,12 ± 5,98 ** | 9,07 ± 0,69 ** | 1,07 ± 0,13 ** | 2,11 ± 0,34 ** | NSG |
| EZ79 | 1,25 ± 0,58 * | 50,26 ± 6,33 ** | 4,55 ± 0,76 ** | 2,65 ± 0,15 ** | 3,33 ± 0,39 ** | NSG |
| F030 | 1,11 ± 0,46 * | 66,95 ± 5,58 ** | 8,05 ± 0,52 ** | 1,11 ± 0,11 ** | 1,93 ± 0,29 ** | NSG |
| F106 | 1,31 ± 0,54 * | 65,48 ± 5,98 ** | 8,19 ± 0,69 ** | 1,36 ± 0,15 ** | 1,79 ± 0,34 ** | NSG |
| F166 | 1,36 ± 0,54 * | 53,64 ± 5,99 ** | 5,22 ± 0,69 ** | 1,67 ± 0,13 ** | 2,10 ± 0,34 ** | NSG |
| LH160 | 1,59 ± 0,54 ** | 53,21 ± 5,99 ** | 5,31 ± 0,69 ** | 1,86 ± 0,13 ** | 1,30 ± 0,34 ** | NSG |
| OQ403 | 1,70 ± 0,46 ** | 60,90 ± 5,58 ** | 5,79 ± 0,52 ** | 1,81 ± 0,11 ** | 1,58 ± 0,29 ** | NSG |
| P033 | 1,45 ± 0,54 ** | 62,03 ± 5,98 ** | 6,43 ± 0,69 ** | 1,62 ± 0,13 ** | 1,81 ± 0,34 ** | NSG |
| PHR25 | 1,73 ± 0,46 ** | 63,25 ± 5,58 ** | 5,92 ± 0,52 ** | 1,57 ± 0,11 ** | 1,76 ± 0,29 ** | NSG |
| SGFT-NSGT | 0,65 ± 0,19 ** | 4,66 ± 1,66 ** | -0,06 ± 0,33 | -0,15 ± 0,08 | -0,14 ± 0,14 | |
| SGFP-SGFT | 0,09 ± 0,23 | 0,17 ± 2,04 | 0,70 ± 0,43 | 0,04 ± 0,10 | -0,01 ± 0,18 | |
| SGFP-NSGP | 1,01 ± 0,20 ** | 6,60 ± 1,78 ** | 0,87 ± 0,38 * | -0,15 ± 0,09 | -0,20 ± 0,16 | |
| SGFT-NSGP | 0,92 ± 0,18 ** | 6,44 ± 1,63 ** | 0,17 ± 0,34 | -0,19 ± 0,08 * | -0,20 ± 0,15 | |

RBIO = rendimiento de biomasa ($t \cdot ha^{-1}$); HUMBIO = humedad de biomasa (%); PROTBIO = contenido de proteína en la biomasa (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddff); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddff); NSGT = stay green no funcional (75 ddff); NSGP = stay green no funcional (60 ddff); **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

4.1.2 Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia media.

En el caso de las líneas de senescencia media, los análisis de varianza combinado mostraron diferencias significativas entre líneas para todos los caracteres estudiados (Tablas 4.4, 4.5 y 4.6). De las 54 líneas evaluadas, 26 presentaron SG funcional; de las cuales 18 fueron clasificadas como SGFT (valores de fotosíntesis a los 75 ddff significativos) y ocho líneas como SGFP (valores altos de fotosíntesis a los 60 ddff); las 28 líneas restantes no presentaron SG funcional (NSG), incluyendo a las líneas LH168 y PHEW7 que presentaron SG cosmético (Tabla 4.4).

En la comparación de medias entre líneas con SG funcional y no funcional, se determinaron diferencias significativas ($P \leq 0,01$ y $P \leq 0,05$) en 16 de los 20 caracteres estudiados; en los caracteres tasa fotosintética en floración y a los 30 ddff, así como en longitud de mazorca y contenido de proteína en la biomasa, no se encontraron diferencias significativas (Tablas 4.4, 4.5 y 4.6).

El rango de producción de las líneas con SG funcional fluctuó desde 1,12 hasta 5,67 $t \cdot ha^{-1}$. El rendimiento promedio de las líneas SG funcional fue de 3,60 $t \cdot ha^{-1}$; mientras que en las NSG fue de 3,13 $t \cdot ha^{-1}$. La línea SGFP PA742 presentó el valor más alto de rendimiento con 5,67 $t \cdot ha^{-1}$, seguido por las líneas PHR63 y EZ81 con rendimientos promedios de 5,17 y 5,07

$t \cdot ha^{-1}$, respectivamente; la línea PA3758 (SGFP) fue la que presentó el rendimiento más bajo ($1,12 t \cdot ha^{-1}$). El rango de producción de las líneas NSG osciló entre $1,30$ y $4,12 t \cdot ha^{-1}$ (Tabla 4.5).

El 72% de las líneas con SGFT presentaron una humedad del grano superior al 30%; mientras que el 75% de líneas con SGFP presentaron una humedad del grano entre 20 y 25%. La línea más productiva (PA742) mostró una humedad de grano de 20,5%, convirtiéndola en particularmente importante; mientras que las líneas PHR63 y EZ81 presentaron valores de humedad de 32,9 y 32,7%, respectivamente (Tabla 4.5).

En cuanto al rendimiento de biomasa, las líneas con SG funcional EZ81, PHZ51, PHJ33 y PA742 mostraron los rendimientos más altos, con promedios de $4,06$, $3,89$, $3,18$ y $3,06 t \cdot ha^{-1}$, respectivamente. Estas líneas también presentaron una humedad de biomasa en un rango de 71,1 a 74,9% (Tabla 4.6).

Al igual que en el grupo de líneas de senescencia precoz, el porcentaje de proteína en el grano fue superior al de la biomasa y osciló entre 7,31 y 12,40%, mientras que en la biomasa fue desde 5,12 a 9,26% (Tablas 4.5 y 4.6).

Los promedios del índice de clorofila y tasa fotosintética de las líneas con SG funcional en su mayoría fueron superiores a los promedios de las líneas NSG, siendo más evidente dicha situación a partir de los 30 ddff; sin embargo, dentro de las líneas NSG se observaron líneas que sobresalen del resto, debido a que presentan SG cosmético. Es evidente que este grupo de líneas al igual que las líneas de senescencia precoz siguen un patrón similar en la disminución del contenido de clorofila y tasa fotosintética durante la senescencia (Gráfico 4.2 A, B).

Al comparar el rendimiento de grano con el rendimiento de biomasa, se observó que la mayoría de líneas con SG funcional presentaron valores más elevados que las líneas NSG (Gráfico 4.2 C). Por otro lado, al comparar el llenado del grano con la humedad del mismo, también se encontró una relación directamente proporcional entre los dos caracteres, es decir que las líneas con SG funcional que sobrepasan los 70 días para el llenado del grano muestran también mayor humedad del grano (27-38%) (Gráfico 4.2 D).

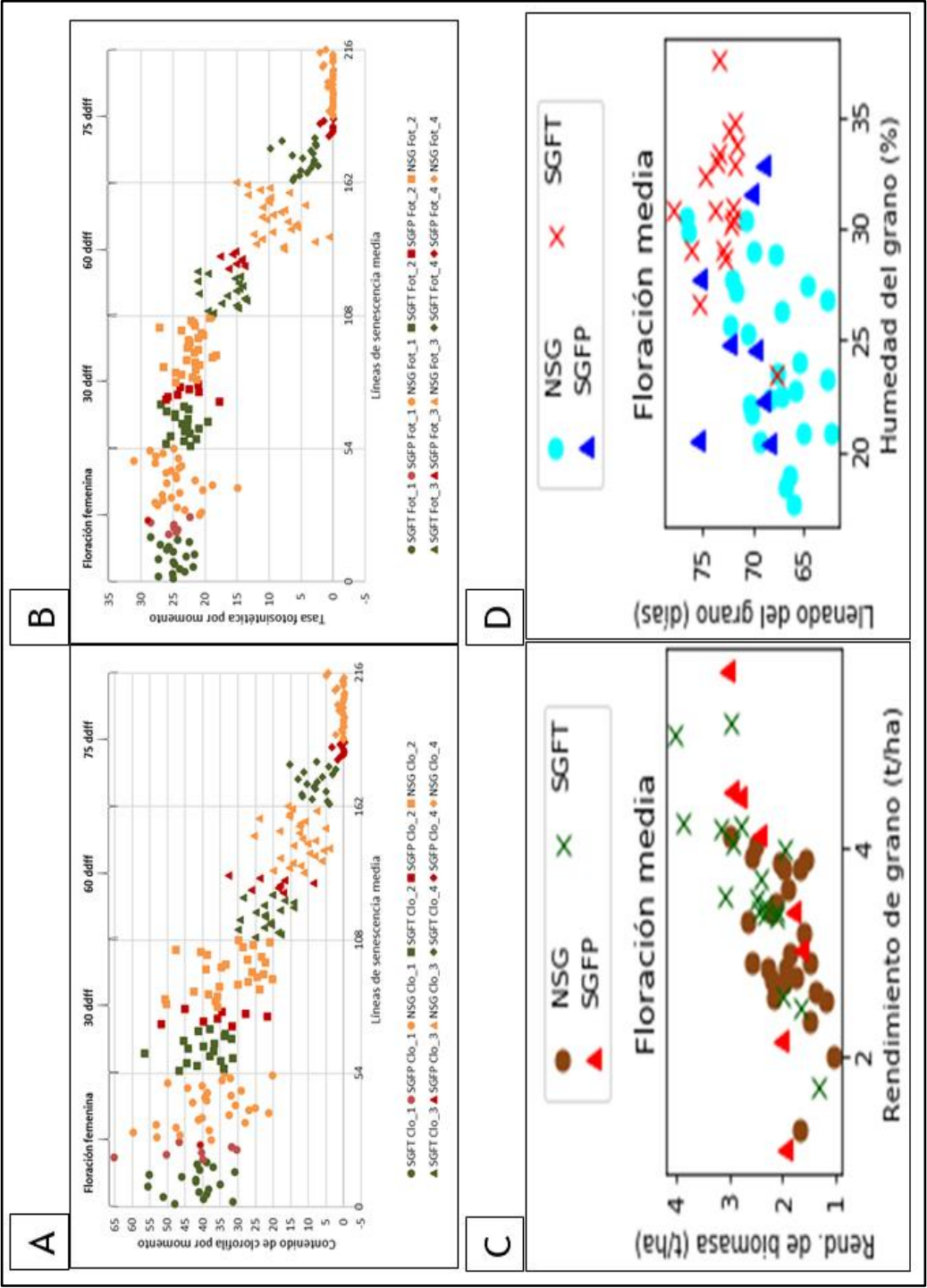


Gráfico 4.2 Disminución progresiva por momento de evaluación y por tipo de Stray Green (SGFT, SGFP y NSG) del índice de clorofila (A) y tasa fotosintética (B); comparación entre rendimiento de grano y rendimiento de biomasa (C); comparación entre llenado de grano y humedad del grano (D), evaluados en 54 líneas puras de maíz de senescencia media.

Tabla 4.4 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para dos caracteres fisiológicos, evaluados desde la floración hasta la senescencia en 54 líneas puras de maíz de senescencia media.

| Líneas | Caracteres fisiológicos | | | | | | | | | | SEN |
|--------|-------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|------|--|-----|
| | CLO_1 | CLO_2 | CLO_3 | CLO_4 | FOT_1 | FOT_2 | FOT_3 | FOT_4 | | | |
| A632 | 47,92 ± 2,99 ** | 46,73 ± 4,65 ** | 25,08 ± 4,05 ** | 3,98 ± 1,71 * | 24,96 ± 1,53 ** | 22,30 ± 1,48 ** | 18,72 ± 2,05 ** | 6,30 ± 0,85 ** | SGFT | | |
| B108 | 31,51 ± 3,58 ** | 34,04 ± 5,44 ** | 17,89 ± 4,81 ** | 4,62 ± 2,46 ** | 27,34 ± 2,25 ** | 26,11 ± 2,02 ** | 19,55 ± 2,98 ** | 6,04 ± 1,36 ** | SGFT | | |
| EC401 | 39,77 ± 4,10 ** | 41,70 ± 6,02 ** | 18,50 ± 5,44 ** | 8,98 ± 3,00 ** | 25,11 ± 2,69 ** | 23,29 ± 2,42 ** | 14,80 ± 3,56 ** | 5,32 ± 1,67 ** | SGFT | | |
| EC402 | 51,26 ± 2,99 ** | 44,48 ± 4,65 ** | 30,08 ± 4,05 ** | 11,59 ± 1,71 ** | 23,17 ± 1,53 ** | 21,36 ± 1,48 ** | 15,09 ± 2,05 ** | 4,08 ± 0,85 ** | SGFT | | |
| EC403 | 38,84 ± 3,59 ** | 34,92 ± 5,19 ** | 22,56 ± 4,74 ** | 11,78 ± 2,39 ** | 23,98 ± 1,99 ** | 25,36 ± 1,95 ** | 17,50 ± 2,66 ** | 5,09 ± 1,19 ** | SGFT | | |
| EZ51 | 41,15 ± 3,29 ** | 31,51 ± 5,13 ** | 20,51 ± 4,47 ** | 4,96 ± 2,14 * | 21,84 ± 1,99 ** | 22,44 ± 1,79 ** | 13,51 ± 2,65 ** | 3,50 ± 1,19 ** | SGFT | | |
| EZ81 | 38,28 ± 3,29 ** | 37,92 ± 5,13 ** | 20,80 ± 4,47 ** | 8,01 ± 2,14 ** | 24,82 ± 1,99 ** | 23,20 ± 1,79 ** | 13,80 ± 2,65 ** | 2,37 ± 1,19 * | SGFT | | |
| F06102 | 55,54 ± 3,30 ** | 56,42 ± 5,13 ** | 29,54 ± 4,47 ** | 8,45 ± 2,14 ** | 24,98 ± 2,00 ** | 20,97 ± 1,79 ** | 16,54 ± 2,65 ** | 3,06 ± 1,19 * | SGFT | | |
| LH127 | 35,18 ± 3,30 ** | 36,91 ± 5,13 ** | 22,24 ± 4,47 ** | 10,42 ± 2,14 ** | 27,27 ± 2,00 ** | 22,81 ± 1,79 ** | 20,93 ± 2,65 ** | 2,94 ± 1,19 * | SGFT | | |
| LH184 | 41,96 ± 2,99 ** | 44,25 ± 4,65 ** | 22,42 ± 4,05 ** | 7,57 ± 1,71 ** | 23,02 ± 1,53 ** | 23,64 ± 1,48 ** | 15,13 ± 2,05 ** | 4,76 ± 0,85 ** | SGFT | | |
| PA8635 | 42,07 ± 2,99 ** | 39,90 ± 4,65 ** | 24,84 ± 4,05 ** | 12,90 ± 1,71 ** | 21,66 ± 1,53 ** | 19,58 ± 1,48 ** | 14,67 ± 2,05 ** | 6,39 ± 0,85 ** | SGFT | | |
| PHBW8 | 46,02 ± 3,30 ** | 36,78 ± 5,13 ** | 17,98 ± 4,47 ** | 6,03 ± 2,14 ** | 25,00 ± 2,00 ** | 22,68 ± 1,79 ** | 14,13 ± 2,65 ** | 3,13 ± 1,19 ** | SGFT | | |
| PHH93 | 55,27 ± 3,29 ** | 45,50 ± 5,13 ** | 14,13 ± 4,47 ** | 3,16 ± 2,14 ** | 25,99 ± 1,99 ** | 24,75 ± 1,79 ** | 14,69 ± 2,65 ** | 3,45 ± 1,19 ** | SGFT | | |
| PHJ33 | 30,94 ± 2,99 ** | 31,78 ± 4,65 ** | 22,58 ± 4,05 ** | 11,32 ± 1,71 ** | 25,69 ± 1,53 ** | 24,73 ± 1,48 ** | 21,15 ± 2,05 ** | 9,85 ± 0,85 ** | SGFT | | |
| PHN11 | 40,85 ± 3,30 ** | 33,87 ± 5,13 ** | 14,23 ± 4,47 ** | 2,27 ± 2,14 ** | 26,99 ± 2,00 ** | 26,04 ± 1,79 ** | 15,35 ± 2,65 ** | 2,63 ± 1,19 * | SGFT | | |
| PHR47 | 37,00 ± 2,99 ** | 33,58 ± 4,65 ** | 16,71 ± 4,05 ** | 4,24 ± 1,71 * | 22,47 ± 1,53 ** | 22,63 ± 1,48 ** | 14,52 ± 2,05 ** | 2,77 ± 0,85 ** | SGFT | | |
| PHR63 | 41,58 ± 3,30 ** | 41,28 ± 5,13 ** | 28,55 ± 4,47 ** | 15,31 ± 2,14 ** | 24,33 ± 2,00 ** | 23,27 ± 1,79 ** | 19,59 ± 2,65 ** | 7,99 ± 1,19 ** | SGFT | | |
| PHZ51 | 38,96 ± 3,30 ** | 38,06 ± 5,13 ** | 20,22 ± 4,47 ** | 7,68 ± 2,14 ** | 28,50 ± 2,00 ** | 26,96 ± 1,79 ** | 21,17 ± 2,65 ** | 2,90 ± 1,19 * | SGFT | | |
| F04704 | 39,98 ± 3,29 ** | 31,64 ± 5,13 ** | 17,09 ± 4,47 ** | 1,73 ± 2,14 ** | 25,69 ± 1,99 ** | 17,72 ± 1,79 ** | 16,37 ± 2,65 ** | 0,64 ± 1,19 | SGFP | | |
| F06909 | 65,22 ± 2,99 ** | 51,79 ± 4,65 ** | 26,29 ± 4,05 ** | 0,88 ± 1,71 | 24,47 ± 1,53 ** | 26,15 ± 1,48 ** | 13,88 ± 2,05 ** | 0,25 ± 0,85 | SGFP | | |
| OS602 | 50,32 ± 3,30 ** | 39,84 ± 5,13 ** | 18,57 ± 4,47 ** | 0,09 ± 2,14 | 24,30 ± 2,00 ** | 25,86 ± 1,79 ** | 15,14 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | SGFP | | |
| PA3754 | 40,40 ± 3,30 ** | 35,85 ± 5,13 ** | 17,97 ± 4,47 ** | -0,09 ± 2,14 | 24,87 ± 2,00 ** | 24,30 ± 1,79 ** | 14,32 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | SGFP | | |
| PA3758 | 30,37 ± 3,30 ** | 21,63 ± 5,13 ** | 8,58 ± 4,47 ** | 0,09 ± 2,14 | 24,88 ± 2,00 ** | 20,97 ± 1,79 ** | 14,24 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | SGFP | | |
| PA742 | 31,83 ± 3,30 ** | 27,74 ± 5,13 ** | 16,81 ± 4,47 ** | 3,40 ± 2,14 | 28,48 ± 2,00 ** | 22,50 ± 1,79 ** | 17,63 ± 2,65 ** | 2,06 ± 1,19 | SGFP | | |
| PHVA9 | 40,60 ± 2,99 ** | 34,61 ± 4,65 ** | 23,92 ± 4,05 ** | 1,04 ± 1,71 | 28,85 ± 1,53 ** | 23,87 ± 1,48 ** | 15,78 ± 2,05 ** | 1,44 ± 0,85 | SGFP | | |
| SD43 | 46,77 ± 3,29 ** | 45,04 ± 5,13 ** | 32,72 ± 4,47 ** | -0,26 ± 2,14 | 22,42 ± 1,99 ** | 21,07 ± 1,79 ** | 15,26 ± 2,65 ** | -0,03 ± 1,19 | SGFP | | |
| 3IH6 | 37,55 ± 3,30 ** | 35,76 ± 5,13 ** | 11,32 ± 4,47 * | 0,09 ± 2,14 | 20,92 ± 2,00 ** | 24,59 ± 1,79 ** | 7,66 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG | | |
| CS608 | 53,11 ± 3,30 ** | 50,42 ± 5,13 ** | 19,96 ± 4,47 ** | 0,09 ± 2,14 | 20,58 ± 2,00 ** | 21,33 ± 1,79 ** | 7,81 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG | | |
| EZ9 | 46,53 ± 3,30 ** | 36,32 ± 5,13 ** | 15,51 ± 4,47 ** | 2,22 ± 2,14 | 23,21 ± 2,00 ** | 22,01 ± 1,79 ** | 12,04 ± 2,65 ** | 0,67 ± 1,19 | NSG | | |
| F161 | 59,71 ± 3,29 ** | 50,62 ± 5,13 ** | 12,19 ± 4,47 ** | 0,26 ± 2,14 | 24,36 ± 1,99 ** | 23,70 ± 1,79 ** | 2,83 ± 2,65 ** | 0,03 ± 1,19 | NSG | | |

Tabla 4.4 (Continuación) Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para dos caracteres fisiológicos, evaluados desde la floración hasta la senescencia en 54 líneas puras de maíz de senescencia media.

| Líneas | CLO_1 | CLO_2 | CLO_3 | CLO_4 | FOT_1 | FOT_2 | FOT_3 | FOT_4 | SEN |
|-----------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----|
| F98902 | 38,19 ± 3,30 ** | 35,74 ± 5,13 ** | 14,36 ± 4,47 ** | 0,58 ± 2,14 ** | 27,41 ± 2,00 ** | 24,57 ± 1,79 ** | 11,16 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| L155 | 47,56 ± 3,30 ** | 38,40 ± 5,13 ** | 6,29 ± 4,47 ** | -0,09 ± 2,14 ** | 27,84 ± 2,00 ** | 21,45 ± 1,79 ** | 0,62 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| LH163 | 53,19 ± 2,99 ** | 42,60 ± 4,65 ** | 17,94 ± 4,05 ** | 0,00 ± 1,71 | 26,58 ± 1,53 ** | 26,50 ± 1,48 ** | 12,42 ± 2,05 ** | 0,00 ± 0,85 | NSG |
| LH172 | 28,06 ± 2,99 ** | 23,88 ± 4,65 ** | 8,30 ± 4,05 * | 0,00 ± 1,71 | 25,30 ± 1,53 ** | 20,87 ± 1,48 ** | 9,52 ± 2,05 ** | 0,00 ± 0,85 | NSG |
| LH202 | 41,25 ± 2,99 ** | 35,22 ± 4,65 ** | 9,66 ± 4,05 * | 0,00 ± 1,71 | 26,67 ± 1,53 ** | 21,58 ± 1,48 ** | 6,56 ± 2,05 ** | 0,00 ± 0,85 | NSG |
| LH223 | 40,11 ± 3,29 ** | 30,09 ± 5,13 ** | 5,76 ± 4,47 ** | -0,26 ± 2,14 | 24,04 ± 1,99 ** | 22,85 ± 1,79 ** | 5,61 ± 2,65 * | -0,03 ± 1,19 | NSG |
| LH52 | 32,60 ± 3,30 ** | 27,16 ± 5,13 ** | 3,97 ± 4,47 ** | 0,09 ± 2,14 | 20,37 ± 2,00 ** | 18,85 ± 1,79 ** | 5,75 ± 2,65 * | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| LH57 | 21,33 ± 3,29 ** | 20,13 ± 5,13 ** | 14,17 ± 4,47 ** | 0,26 ± 2,14 | 14,97 ± 1,99 ** | 18,29 ± 1,79 ** | 7,14 ± 2,65 ** | 0,03 ± 1,19 | NSG |
| LH59 | 26,89 ± 2,99 ** | 24,48 ± 4,65 ** | 10,30 ± 4,05 * | 1,36 ± 1,71 | 18,84 ± 1,53 ** | 21,69 ± 1,48 ** | 10,40 ± 2,05 ** | 0,81 ± 0,85 | NSG |
| LH82 | 25,05 ± 2,99 ** | 22,81 ± 4,65 ** | 7,98 ± 4,05 ** | 0,00 ± 1,71 | 26,03 ± 1,53 ** | 21,07 ± 1,48 ** | 11,11 ± 2,05 ** | 0,00 ± 0,85 | NSG |
| Oh43 | 30,82 ± 2,99 ** | 25,95 ± 4,65 ** | 11,70 ± 4,05 ** | 1,73 ± 1,71 | 21,63 ± 1,53 ** | 22,79 ± 1,48 ** | 9,42 ± 2,05 ** | 0,83 ± 0,85 | NSG |
| PA3327 | 42,81 ± 3,29 ** | 39,15 ± 5,13 ** | 25,50 ± 4,47 ** | 0,26 ± 2,14 | 24,52 ± 1,99 ** | 22,60 ± 1,79 ** | 8,18 ± 2,65 ** | 0,03 ± 1,19 | NSG |
| PA3402 | 38,87 ± 2,99 ** | 34,67 ± 4,65 ** | 12,66 ± 4,05 ** | 0,00 ± 1,71 | 24,58 ± 1,53 ** | 22,41 ± 1,48 ** | 7,62 ± 2,05 ** | 0,00 ± 0,85 | NSG |
| PA3403 | 39,42 ± 3,30 ** | 33,49 ± 5,13 ** | 18,15 ± 4,47 ** | -0,09 ± 2,14 | 26,14 ± 2,00 ** | 22,61 ± 1,79 ** | 10,97 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| PA3423A | 32,06 ± 3,30 ** | 22,17 ± 5,13 ** | 5,13 ± 4,47 ** | -0,09 ± 2,14 | 25,32 ± 2,00 ** | 21,09 ± 1,79 ** | 4,38 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| PA3423B | 38,69 ± 3,29 ** | 27,35 ± 5,13 ** | 12,58 ± 4,47 ** | -0,26 ± 2,14 | 24,07 ± 1,99 ** | 20,29 ± 1,79 ** | 10,05 ± 2,65 ** | -0,03 ± 1,19 | NSG |
| PA7236 | 29,05 ± 3,30 ** | 23,23 ± 5,13 ** | 12,14 ± 4,47 ** | 2,35 ± 2,14 | 23,68 ± 2,00 ** | 20,57 ± 1,79 ** | 10,10 ± 2,65 ** | 1,66 ± 1,19 | NSG |
| PH207 | 44,28 ± 2,99 ** | 38,80 ± 4,65 ** | 10,88 ± 4,05 ** | 1,85 ± 1,71 | 27,79 ± 1,53 ** | 23,72 ± 1,48 ** | 9,78 ± 2,05 ** | 1,46 ± 0,85 | NSG |
| PHBA6 | 40,13 ± 3,30 ** | 40,54 ± 5,13 ** | 23,99 ± 4,47 ** | 0,09 ± 2,14 | 31,10 ± 2,00 ** | 27,13 ± 1,79 ** | 13,29 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| PHG47 | 49,93 ± 2,99 ** | 47,62 ± 4,65 ** | 15,56 ± 4,05 ** | 0,00 ± 1,71 | 24,18 ± 1,53 ** | 21,58 ± 1,48 ** | 6,84 ± 2,05 ** | 0,00 ± 0,85 | NSG |
| SD44 | 34,63 ± 3,29 ** | 28,59 ± 5,13 ** | 15,34 ± 4,47 ** | 0,26 ± 2,14 | 27,77 ± 1,99 ** | 21,79 ± 1,79 ** | 11,41 ± 2,65 ** | 0,03 ± 1,19 | NSG |
| SD46 | 32,25 ± 3,30 ** | 25,63 ± 5,13 ** | 7,72 ± 4,47 ** | -0,09 ± 2,14 | 26,62 ± 2,00 ** | 22,16 ± 1,79 ** | 9,90 ± 2,65 ** | 0,00 ± 1,19 | NSG |
| LH168 | 20,11 ± 3,29 ** | 20,90 ± 5,13 ** | 14,57 ± 4,47 ** | 4,94 ± 2,14 * | 28,60 ± 1,99 ** | 19,25 ± 1,79 ** | 13,40 ± 2,65 ** | 2,01 ± 1,19 | SGC |
| PHW7 | 33,85 ± 3,29 ** | 29,84 ± 5,13 ** | 15,82 ± 4,47 ** | 4,49 ± 2,14 * | 24,89 ± 1,99 ** | 18,92 ± 1,79 ** | 15,17 ± 2,65 ** | 1,20 ± 1,19 | SGC |
| SGFT-NSGT | 2,69 ± 1,34 * | 5,91 ± 1,28 ** | 7,78 ± 1,02 ** | 7,32 ± 0,54 ** | -0,43 ± 0,53 | 0,83 ± 0,45 | 6,36 ± 0,70 ** | 4,47 ± 0,31 ** | |
| SGFP-SGFT | 3,11 ± 1,93 | -2,13 ± 1,88 | -0,97 ± 1,41 | -7,17 ± 0,78 ** | 1,32 ± 0,79 | 0,07 ± 0,66 | -1,49 ± 0,93 | -4,24 ± 0,47 ** | |
| SGFP-NSGP | 6,76 ± 1,83 ** | 4,40 ± 1,78 * | 8,82 ± 1,33 ** | 0,42 ± 0,74 | 1,25 ± 0,75 | 0,96 ± 0,63 | 6,49 ± 0,88 ** | 0,36 ± 0,44 | |
| SGFT-NSGP | 3,65 ± 1,37 ** | 6,53 ± 1,34 ** | 9,79 ± 1,00 ** | 7,59 ± 0,56 ** | -0,06 ± 0,56 | 0,90 ± 0,47 | 7,99 ± 0,66 ** | 4,61 ± 0,33 ** | |

CLO_1, CLO_2, CLO_3, CLO_4 = índice de clorofila evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf; respectivamente; FOT_1, FOT_2, FOT_3, FOT_4 = tasa fotosintética ($\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional; SGFT = stay green funcional tardío (75 ddf); NSGT = stay green no funcional (75 ddf); NSGP = stay green no funcional (60 ddf); SGC = stay green cosmético; **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.5 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para siete caracteres agronómicos, evaluados en 54 líneas puras de maíz de senescencia media.

| Líneas | Caracteres agronómicos (rendimiento, sus componentes y relacionados con el grano) | | | | | | | | | | SEN |
|--------|---|-----------------|-----------------|-------------------|-----------------|-----------------|-----------------|----|--|---------|-----|
| | RG | LONGMZ | NUMHIL | P1000K | LLEGRA | HUMG | PROTG | | | | |
| A632 | 4,03 ± 0,44 | ** 14,42 ± 0,69 | ** 13,90 ± 0,41 | ** 282,06 ± 26,16 | ** 72,38 ± 1,73 | ** 30,18 ± 1,82 | ** 10,44 ± 0,45 | ** | | ** SGFT | |
| B108 | 3,70 ± 0,63 | ** 14,71 ± 0,99 | ** 13,92 ± 0,55 | ** 247,91 ± 28,34 | ** 71,70 ± 2,40 | ** 33,64 ± 2,14 | ** 9,23 ± 0,55 | ** | | ** SGFT | |
| EC401 | 1,70 ± 0,75 | * | - | - | 72,16 ± 2,91 | ** 30,86 ± 2,37 | - | ** | | ** SGFT | |
| EC402 | 3,32 ± 0,44 | ** 15,14 ± 0,69 | ** 15,15 ± 0,41 | ** 256,25 ± 26,16 | ** 78,00 ± 1,73 | ** 30,69 ± 1,82 | ** 8,89 ± 0,45 | ** | | ** SGFT | |
| EC403 | 3,98 ± 0,58 | ** 17,03 ± 0,89 | ** 14,86 ± 0,55 | ** 246,57 ± 28,55 | ** 74,89 ± 2,38 | ** 32,25 ± 2,04 | ** 7,72 ± 0,54 | ** | | ** SGFT | |
| EZ51 | 2,46 ± 0,55 | ** 13,87 ± 0,88 | ** 14,59 ± 0,49 | ** 214,74 ± 27,22 | ** 72,58 ± 2,10 | ** 34,28 ± 2,01 | ** 9,41 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| EZ81 | 5,07 ± 0,55 | ** 15,57 ± 0,88 | ** 16,09 ± 0,49 | ** 302,36 ± 27,22 | ** 71,83 ± 2,10 | ** 32,73 ± 2,01 | ** 8,83 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| F06102 | 3,39 ± 0,55 | ** 12,46 ± 0,88 | ** 13,70 ± 0,49 | ** 256,83 ± 27,22 | ** 75,36 ± 2,10 | ** 26,59 ± 2,01 | ** 7,31 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| LH127 | 3,39 ± 0,55 | ** 11,63 ± 0,88 | ** 11,10 ± 0,49 | ** 293,17 ± 27,22 | ** 72,89 ± 2,10 | ** 28,61 ± 2,01 | ** 8,92 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| LH184 | 3,48 ± 0,44 | ** 13,55 ± 0,69 | ** 12,70 ± 0,41 | ** 261,50 ± 26,16 | ** 73,50 ± 1,73 | ** 33,24 ± 1,82 | ** 9,20 ± 0,45 | ** | | ** SGFT | |
| PA8635 | 2,57 ± 0,44 | ** 12,47 ± 0,69 | ** 12,65 ± 0,41 | ** 344,69 ± 26,16 | ** 71,88 ± 1,73 | ** 34,71 ± 1,82 | ** 9,29 ± 0,45 | ** | | ** SGFT | |
| PHBW8 | 4,20 ± 0,55 | ** 18,14 ± 0,88 | ** 13,00 ± 0,49 | ** 259,71 ± 27,22 | ** 76,11 ± 2,10 | ** 29,00 ± 2,01 | ** 8,86 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| PHH93 | 3,36 ± 0,55 | ** 13,42 ± 0,88 | ** 13,19 ± 0,49 | ** 266,36 ± 27,22 | ** 73,83 ± 2,10 | ** 30,74 ± 2,01 | ** 9,68 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| PHJ33 | 4,16 ± 0,44 | ** 17,80 ± 0,69 | ** 12,05 ± 0,41 | ** 308,81 ± 26,16 | ** 73,38 ± 1,73 | ** 37,47 ± 1,82 | ** 8,93 ± 0,45 | ** | | ** SGFT | |
| PHN11 | 3,43 ± 0,55 | ** 12,98 ± 0,88 | ** 14,10 ± 0,49 | ** 251,04 ± 27,22 | ** 67,89 ± 2,10 | ** 23,44 ± 2,01 | ** 9,16 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| PHR47 | 3,53 ± 0,44 | ** 12,78 ± 0,69 | ** 14,13 ± 0,41 | ** 310,44 ± 26,16 | ** 73,00 ± 1,73 | ** 29,04 ± 1,82 | ** 10,01 ± 0,45 | ** | | ** SGFT | |
| PHR63 | 5,17 ± 0,55 | ** 14,84 ± 0,88 | ** 16,30 ± 0,49 | ** 283,33 ± 27,22 | ** 73,61 ± 2,10 | ** 32,86 ± 2,01 | ** 8,38 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| PHZ51 | 4,23 ± 0,55 | ** 14,77 ± 0,88 | ** 13,20 ± 0,49 | ** 294,58 ± 27,22 | ** 72,11 ± 2,10 | ** 30,36 ± 2,01 | ** 8,70 ± 0,50 | ** | | ** SGFT | |
| F04704 | 4,53 ± 0,55 | ** 16,83 ± 0,88 | ** 11,91 ± 0,49 | ** 310,01 ± 27,22 | ** 72,42 ± 2,10 | ** 24,77 ± 2,01 | ** 8,41 ± 0,50 | ** | | ** SGFP | |
| F06909 | 4,12 ± 0,44 | ** 17,83 ± 0,69 | ** 14,90 ± 0,41 | ** 246,94 ± 26,16 | ** 68,63 ± 1,73 | ** 20,35 ± 1,82 | ** 7,59 ± 0,45 | ** | | ** SGFP | |
| OS602 | 3,38 ± 0,55 | ** 16,79 ± 0,88 | ** 12,10 ± 0,49 | ** 259,79 ± 27,22 | ** 69,14 ± 2,10 | ** 22,27 ± 2,01 | ** 10,31 ± 0,50 | ** | | ** SGFP | |
| PA3754 | 3,01 ± 0,55 | ** 10,73 ± 0,88 | ** 10,60 ± 0,49 | ** 244,96 ± 27,22 | ** 69,86 ± 2,10 | ** 24,54 ± 2,01 | ** 9,65 ± 0,50 | ** | | ** SGFP | |
| PA3758 | 1,12 ± 0,55 | * 11,16 ± 0,88 | ** 12,35 ± 0,49 | ** 292,42 ± 27,22 | ** 69,14 ± 2,10 | ** 32,85 ± 2,01 | ** 11,08 ± 0,50 | ** | | ** SGFP | |
| PA742 | 5,67 ± 0,55 | ** 15,06 ± 0,88 | ** 14,00 ± 0,49 | ** 280,33 ± 27,22 | ** 75,61 ± 2,10 | ** 20,48 ± 2,01 | ** 8,43 ± 0,50 | ** | | ** SGFP | |
| PHVA9 | 4,48 ± 0,44 | ** 13,55 ± 0,69 | ** 14,10 ± 0,41 | ** 238,13 ± 26,16 | ** 75,38 ± 1,73 | ** 27,76 ± 1,82 | ** 8,12 ± 0,45 | ** | | ** SGFP | |
| SD43 | 2,14 ± 0,55 | ** 12,64 ± 0,88 | ** 14,79 ± 0,49 | ** 279,99 ± 27,22 | ** 70,33 ± 2,10 | ** 31,49 ± 2,01 | ** 8,90 ± 0,50 | ** | | ** SGFP | |
| 3IIH6 | 3,88 ± 0,55 | ** 15,63 ± 0,88 | ** 15,30 ± 0,49 | ** 210,17 ± 27,22 | ** 62,64 ± 2,10 | ** 23,23 ± 2,01 | ** 7,74 ± 0,50 | ** | | ** NSG | |
| CS608 | 4,12 ± 0,55 | ** 14,76 ± 0,88 | ** 15,40 ± 0,49 | ** 289,67 ± 27,22 | ** 71,64 ± 2,10 | ** 27,18 ± 2,01 | ** 8,68 ± 0,50 | ** | | ** NSG | |
| EZ9 | 2,72 ± 0,55 | ** 15,55 ± 0,88 | ** 11,70 ± 0,49 | ** 202,79 ± 27,22 | ** 70,64 ± 2,10 | ** 30,38 ± 2,01 | ** 10,47 ± 0,50 | ** | | ** NSG | |
| F161 | 3,59 ± 0,55 | ** 15,15 ± 0,88 | ** 14,61 ± 0,49 | ** 242,76 ± 27,22 | ** 62,67 ± 2,10 | ** 26,86 ± 2,01 | ** 8,66 ± 0,50 | ** | | ** NSG | |

Tabla 4.5 (Continuación) Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para siete caracteres agronómicos, evaluados en 54 líneas puras de maíz de senescencia media.

| Líneas | RG | LONGMZ | NUMHIL | P1000K | LLEGRA | HUMG | PROTG | SEN |
|-----------|----------------|-----------------|-----------------|-------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----|
| F98902 | 3,39 ± 0,55 ** | 14,28 ± 0,88 ** | 16,90 ± 0,49 ** | 232,92 ± 27,22 ** | 76,64 ± 2,10 ** | 30,52 ± 2,01 ** | 8,97 ± 0,50 ** | NSG |
| L155 | 2,35 ± 0,55 ** | 12,86 ± 0,88 ** | 15,70 ± 0,49 ** | 209,46 ± 27,22 ** | 65,86 ± 2,10 ** | 22,78 ± 2,01 ** | 11,10 ± 0,50 ** | NSG |
| LH163 | 3,30 ± 0,44 ** | 15,69 ± 0,69 ** | 13,05 ± 0,41 ** | 293,44 ± 26,16 ** | 67,13 ± 1,73 ** | 22,50 ± 1,82 ** | 9,97 ± 0,45 ** | NSG |
| LH172 | 2,54 ± 0,44 ** | 13,56 ± 0,69 ** | 16,45 ± 0,41 ** | 226,38 ± 26,16 ** | 70,38 ± 1,73 ** | 22,17 ± 1,82 ** | 8,34 ± 0,45 ** | NSG |
| LH202 | 3,18 ± 0,44 ** | 13,04 ± 0,69 ** | 16,40 ± 0,41 ** | 205,88 ± 26,16 ** | 70,63 ± 1,73 ** | 25,28 ± 1,82 ** | 7,42 ± 0,45 ** | NSG |
| LH223 | 3,85 ± 0,55 ** | 15,20 ± 0,88 ** | 14,09 ± 0,49 ** | 231,24 ± 27,22 ** | 66,08 ± 2,10 ** | 17,65 ± 2,01 ** | 9,15 ± 0,50 ** | NSG |
| LH52 | 2,72 ± 0,55 ** | 15,26 ± 0,88 ** | 9,10 ± 0,49 ** | 228,42 ± 27,22 ** | 66,89 ± 2,10 ** | 18,42 ± 2,01 ** | 9,40 ± 0,50 ** | NSG |
| LH57 | 2,91 ± 0,55 ** | 14,46 ± 0,88 ** | 10,01 ± 0,49 ** | 242,26 ± 27,22 ** | 67,17 ± 2,10 ** | 26,31 ± 2,01 ** | 8,79 ± 0,50 ** | NSG |
| LH59 | 3,80 ± 0,44 ** | 15,70 ± 0,69 ** | 10,30 ± 0,41 ** | 246,38 ± 26,16 ** | 67,75 ± 1,73 ** | 28,89 ± 1,82 ** | 7,94 ± 0,45 ** | NSG |
| LH82 | 2,76 ± 0,44 ** | 11,55 ± 0,69 ** | 18,70 ± 0,41 ** | 205,94 ± 26,16 ** | 64,75 ± 1,73 ** | 27,48 ± 1,82 ** | 11,09 ± 0,45 ** | NSG |
| Oh43 | 2,64 ± 0,44 ** | 15,02 ± 0,69 ** | 14,35 ± 0,41 ** | 208,69 ± 26,16 ** | 69,88 ± 1,73 ** | 29,02 ± 1,82 ** | 7,89 ± 0,45 ** | NSG |
| PA3327 | 2,90 ± 0,55 ** | 14,29 ± 0,88 ** | 13,41 ± 0,49 ** | 218,64 ± 27,22 ** | 66,42 ± 2,10 ** | 18,96 ± 2,01 ** | 10,89 ± 0,50 ** | NSG |
| PA3402 | 2,84 ± 0,44 ** | 14,02 ± 0,72 ** | 13,23 ± 0,43 ** | 236,08 ± 26,37 ** | 68,38 ± 1,73 ** | 22,41 ± 1,82 ** | 10,76 ± 0,46 ** | NSG |
| PA3403 | 1,30 ± 0,55 * | 9,58 ± 0,88 ** | 12,70 ± 0,49 ** | 305,96 ± 27,22 ** | 76,36 ± 2,10 ** | 29,85 ± 2,01 ** | 12,40 ± 0,50 ** | NSG |
| PA3423A | 2,56 ± 0,55 ** | 11,52 ± 0,88 ** | 14,90 ± 0,49 ** | 250,71 ± 27,22 ** | 69,36 ± 2,10 ** | 20,46 ± 2,01 ** | 10,65 ± 0,50 ** | NSG |
| PA3423B | 3,90 ± 0,55 ** | 16,51 ± 0,88 ** | 14,59 ± 0,49 ** | 263,86 ± 27,22 ** | 70,08 ± 2,10 ** | 21,75 ± 2,01 ** | 8,59 ± 0,50 ** | NSG |
| PA7236 | 2,99 ± 0,55 ** | 13,02 ± 0,88 ** | 11,60 ± 0,49 ** | 262,17 ± 27,22 ** | 72,39 ± 2,10 ** | 25,68 ± 2,01 ** | 7,36 ± 0,50 ** | NSG |
| PH207 | 3,45 ± 0,44 ** | 13,61 ± 0,69 ** | 13,40 ± 0,41 ** | 243,81 ± 26,16 ** | 67,63 ± 1,73 ** | 23,47 ± 1,82 ** | 10,04 ± 0,45 ** | NSG |
| PHBA6 | 4,03 ± 0,55 ** | 15,77 ± 0,88 ** | 16,00 ± 0,49 ** | 204,92 ± 27,22 ** | 65,39 ± 2,10 ** | 23,97 ± 2,01 ** | 10,15 ± 0,50 ** | NSG |
| PHG47 | 2,00 ± 0,44 ** | 12,85 ± 0,69 ** | 15,22 ± 0,41 ** | 215,00 ± 26,16 ** | 65,13 ± 1,73 ** | 20,85 ± 1,82 ** | 10,19 ± 0,45 ** | NSG |
| SD44 | 3,81 ± 0,55 ** | 16,75 ± 0,88 ** | 16,81 ± 0,49 ** | 232,89 ± 27,22 ** | 72,17 ± 2,10 ** | 27,75 ± 2,01 ** | 8,75 ± 0,50 ** | NSG |
| SD46 | 2,85 ± 0,55 ** | 15,31 ± 0,88 ** | 11,70 ± 0,49 ** | 236,21 ± 27,22 ** | 62,36 ± 2,10 ** | 20,82 ± 2,01 ** | 8,46 ± 0,50 ** | NSG |
| LH168 | 4,01 ± 0,55 ** | 14,48 ± 0,88 ** | 18,39 ± 0,49 ** | 239,61 ± 27,22 ** | 74,08 ± 2,10 ** | 26,36 ± 2,01 ** | 10,60 ± 0,50 ** | SGC |
| PHEW7 | 3,24 ± 0,55 ** | 14,98 ± 0,88 ** | 13,51 ± 0,49 ** | 251,26 ± 27,22 ** | 70,17 ± 2,10 ** | 29,25 ± 2,01 ** | 7,74 ± 0,50 ** | SGC |
| SGFT-NSGT | 0,41 ± 0,16 ** | 0,14 ± 0,30 ** | -0,43 ± 0,28 ** | 38,75 ± 4,92 ** | 4,18 ± 0,60 ** | 6,74 ± 0,55 ** | -0,12 ± 0,17 ** | |
| SGFP-SGFT | 0,08 ± 0,23 ** | 0,17 ± 0,44 ** | -0,30 ± 0,40 ** | -16,85 ± 7,07 * | -1,84 ± 0,87 * | -6,26 ± 0,81 ** | -0,30 ± 0,25 ** | |
| SGFP-NSGP | 0,65 ± 0,22 ** | 0,44 ± 0,42 ** | -0,84 ± 0,38 * | 28,55 ± 6,68 ** | 3,19 ± 0,83 ** | 0,81 ± 0,76 ** | -0,54 ± 0,24 * | |
| SGFT-NSGP | 0,57 ± 0,16 ** | 0,26 ± 0,32 ** | -0,54 ± 0,29 ** | 45,40 ± 5,05 ** | 5,03 ± 0,62 ** | 7,06 ± 0,57 ** | -0,25 ± 0,18 ** | |

RG = rendimiento de grano ($t \cdot ha^{-1}$); LONGMZ = longitud de mazorca (cm); NUMHIL = número de hileras de grano en la mazorca; P1000K = peso de mil granos (g); LLEGRA = días transcurrido desde la floración hasta la madurez fisiológica del grano; HUMG = humedad del grano en la cosecha (%); PROTG = contenido de proteína en el grano (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddff); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddff); NSGT = stay green no funcional (75 ddff); NSGP = stay green no funcional (60 ddff); SGC = stay green cosmético; **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.6 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para tres caracteres relacionados con la biomasa, relación entre caracteres de grano y biomasa, evaluados en 54 líneas puras de maíz de senescencia media.

| Líneas | Caracteres agronómicos (biomasa) | | | | | | Relación entre grano y biomasa | | SEN |
|-----------|----------------------------------|----|--------------|----|--------------|----|--------------------------------|--------------|------|
| | RBIO | | HUMBIO | | PROTBIO | | PROTG/PROTBIO | RG/RBIO | |
| A632 | 2,94 ± 0,31 | ** | 70,17 ± 3,76 | ** | 6,42 ± 0,49 | ** | 1,65 ± 0,09 | 1,39 ± 0,23 | SGFT |
| B108 | 2,44 ± 0,43 | ** | 75,36 ± 4,51 | ** | 6,43 ± 0,63 | ** | 1,51 ± 0,12 | 1,41 ± 0,30 | SGFT |
| EC401 | 1,35 ± 0,68 | * | 74,91 ± 6,72 | ** | 7,80 ± 1,03 | ** | - | 2,46 ± 0,51 | SGFT |
| EC402 | 2,11 ± 0,31 | ** | 70,19 ± 3,76 | ** | 6,76 ± 0,49 | ** | 1,34 ± 0,09 | 1,61 ± 0,23 | SGFT |
| EC403 | 1,98 ± 0,39 | ** | 74,97 ± 4,52 | ** | 7,42 ± 0,69 | ** | 1,05 ± 0,13 | 2,01 ± 0,32 | SGFT |
| EZ51 | 1,69 ± 0,39 | ** | 69,60 ± 4,15 | ** | 6,98 ± 0,56 | ** | 1,36 ± 0,11 | 1,44 ± 0,26 | SGFT |
| EZ81 | 4,06 ± 0,43 | ** | 77,24 ± 4,15 | ** | 5,93 ± 0,63 | ** | 1,52 ± 0,12 | 1,32 ± 0,30 | SGFT |
| F06102 | 2,12 ± 0,39 | ** | 70,03 ± 4,15 | ** | 7,01 ± 0,56 | ** | 1,04 ± 0,11 | 1,68 ± 0,26 | SGFT |
| LH127 | 2,48 ± 0,39 | ** | 70,65 ± 4,15 | ** | 7,01 ± 0,56 | ** | 1,35 ± 0,11 | 1,39 ± 0,26 | SGFT |
| LH184 | 2,49 ± 0,31 | ** | 71,52 ± 3,76 | ** | 5,90 ± 0,49 | ** | 1,59 ± 0,09 | 1,40 ± 0,23 | SGFT |
| PA8635 | 2,00 ± 0,31 | ** | 77,37 ± 3,76 | ** | 8,77 ± 0,49 | ** | 1,08 ± 0,09 | 1,31 ± 0,23 | SGFT |
| PHBW8 | 2,80 ± 0,39 | ** | 69,45 ± 4,15 | ** | 5,12 ± 0,56 | ** | 1,76 ± 0,11 | 1,58 ± 0,26 | SGFT |
| PHH93 | 2,34 ± 0,39 | ** | 73,40 ± 4,15 | ** | 7,36 ± 0,56 | ** | 1,33 ± 0,11 | 1,51 ± 0,26 | SGFT |
| PHJ33 | 3,18 ± 0,31 | ** | 72,64 ± 3,76 | ** | 5,29 ± 0,49 | ** | 1,74 ± 0,09 | 1,33 ± 0,23 | SGFT |
| PHN11 | 2,33 ± 0,39 | ** | 71,40 ± 4,15 | ** | 6,78 ± 0,56 | ** | 1,39 ± 0,11 | 1,45 ± 0,26 | SGFT |
| PHR47 | 3,09 ± 0,31 | ** | 69,87 ± 3,76 | ** | 6,34 ± 0,49 | ** | 1,60 ± 0,09 | 1,16 ± 0,23 | SGFT |
| PHR63 | 2,98 ± 0,39 | ** | 69,32 ± 4,15 | ** | 5,35 ± 0,56 | ** | 1,57 ± 0,11 | 1,78 ± 0,26 | SGFT |
| PHZ51 | 3,89 ± 0,39 | ** | 71,09 ± 4,15 | ** | 5,87 ± 0,56 | ** | 1,54 ± 0,11 | 1,11 ± 0,26 | SGFT |
| F04704 | 2,99 ± 0,39 | ** | 69,32 ± 4,15 | ** | 7,23 ± 0,56 | ** | 1,18 ± 0,11 | 1,58 ± 0,26 | SGFP |
| F06909 | 2,46 ± 0,31 | ** | 65,65 ± 3,76 | ** | 5,93 ± 0,49 | ** | 1,28 ± 0,09 | 1,75 ± 0,23 | SGFP |
| OS602 | 1,82 ± 0,39 | ** | 69,36 ± 4,15 | ** | 6,27 ± 0,56 | ** | 1,70 ± 0,11 | 1,78 ± 0,26 | SGFP |
| PA3754 | 1,68 ± 0,39 | ** | 71,75 ± 4,15 | ** | 6,42 ± 0,56 | ** | 1,54 ± 0,11 | 1,94 ± 0,26 | SGFP |
| PA3758 | 1,99 ± 0,39 | ** | 73,50 ± 4,15 | ** | 7,29 ± 0,56 | ** | 1,54 ± 0,11 | 0,52 ± 0,26 | SGFP |
| PA742 | 3,06 ± 0,39 | ** | 74,91 ± 4,15 | ** | 6,10 ± 0,56 | ** | 1,37 ± 0,11 | 1,86 ± 0,26 | SGFP |
| PHVA9 | 2,85 ± 0,31 | ** | 67,28 ± 3,76 | ** | 6,71 ± 0,49 | ** | 1,22 ± 0,09 | 1,65 ± 0,23 | SGFP |
| SD43 | 2,05 ± 0,39 | ** | 69,97 ± 4,15 | ** | 9,26 ± 0,56 | ** | 0,96 ± 0,11 | 1,26 ± 0,26 | SGFP |
| 3IIH6 | 1,55 ± 0,43 | ** | 78,84 ± 4,15 | ** | 5,90 ± 0,63 | ** | 1,33 ± 0,12 | 2,59 ± 0,30 | NSG |
| CS608 | 3,00 ± 0,39 | ** | 71,97 ± 4,15 | ** | 7,03 ± 0,56 | ** | 1,26 ± 0,11 | 1,50 ± 0,26 | NSG |
| EZ9 | 1,98 ± 0,39 | ** | 71,82 ± 4,15 | ** | 6,99 ± 0,56 | ** | 1,52 ± 0,11 | 1,36 ± 0,26 | NSG |
| F161 | 1,89 ± 0,39 | ** | 76,57 ± 4,15 | ** | 6,79 ± 0,56 | ** | 1,29 ± 0,11 | 1,98 ± 0,26 | NSG |
| F98902 | 2,21 ± 0,39 | ** | 75,76 ± 4,15 | ** | 6,57 ± 0,56 | ** | 1,39 ± 0,11 | 1,53 ± 0,26 | NSG |
| L155 | 1,50 ± 0,39 | ** | 58,02 ± 4,15 | ** | 5,77 ± 0,56 | ** | 1,96 ± 0,11 | 1,71 ± 0,26 | NSG |
| LH163 | 2,64 ± 0,31 | ** | 67,57 ± 3,76 | ** | 5,93 ± 0,49 | ** | 1,72 ± 0,09 | 1,25 ± 0,23 | NSG |
| LH172 | 1,20 ± 0,31 | ** | 71,40 ± 3,76 | ** | 7,66 ± 0,49 | ** | 1,10 ± 0,09 | 2,17 ± 0,23 | NSG |
| LH202 | 1,60 ± 0,31 | ** | 61,60 ± 3,76 | ** | 6,45 ± 0,49 | ** | 1,17 ± 0,09 | 2,00 ± 0,23 | NSG |
| LH223 | 2,03 ± 0,39 | ** | 49,76 ± 4,15 | ** | 5,49 ± 0,56 | ** | 1,70 ± 0,11 | 3,00 ± 0,26 | NSG |
| LH52 | 2,20 ± 0,39 | ** | 63,65 ± 4,15 | ** | 6,04 ± 0,56 | ** | 1,56 ± 0,11 | 1,40 ± 0,26 | NSG |
| LH57 | 1,47 ± 0,39 | ** | 65,25 ± 4,15 | ** | 8,20 ± 0,56 | ** | 1,10 ± 0,11 | 1,91 ± 0,26 | NSG |
| LH59 | 1,69 ± 0,31 | ** | 67,62 ± 3,76 | ** | 7,63 ± 0,49 | ** | 1,04 ± 0,09 | 2,22 ± 0,23 | NSG |
| LH82 | 1,76 ± 0,31 | ** | 71,65 ± 3,76 | ** | 6,94 ± 0,49 | ** | 1,63 ± 0,09 | 1,60 ± 0,23 | NSG |
| Oh43 | 1,38 ± 0,31 | ** | 71,30 ± 3,76 | ** | 6,58 ± 0,49 | ** | 1,21 ± 0,09 | 1,96 ± 0,23 | NSG |
| PA3327 | 2,56 ± 0,39 | ** | 71,52 ± 4,15 | ** | 6,94 ± 0,56 | ** | 1,60 ± 0,11 | 1,19 ± 0,26 | NSG |
| PA3402 | 2,27 ± 0,31 | ** | 59,98 ± 3,76 | ** | 7,55 ± 0,49 | ** | 1,41 ± 0,09 | 1,28 ± 0,23 | NSG |
| PA3403 | 1,69 ± 0,39 | ** | 70,15 ± 4,15 | ** | 8,23 ± 0,56 | ** | 1,50 ± 0,11 | 0,82 ± 0,26 | NSG |
| PA3423A | 2,18 ± 0,39 | ** | 65,78 ± 4,15 | ** | 7,56 ± 0,56 | ** | 1,39 ± 0,11 | 1,22 ± 0,26 | NSG |
| PA3423B | 2,57 ± 0,39 | ** | 67,80 ± 4,15 | ** | 5,59 ± 0,56 | ** | 1,55 ± 0,11 | 1,52 ± 0,26 | NSG |
| PA7236 | 1,87 ± 0,39 | ** | 70,68 ± 4,15 | ** | 6,83 ± 0,56 | ** | 1,11 ± 0,11 | 1,55 ± 0,26 | NSG |
| PH207 | 2,11 ± 0,31 | ** | 69,96 ± 3,76 | ** | 6,73 ± 0,49 | ** | 1,51 ± 0,09 | 1,63 ± 0,23 | NSG |
| PHBA6 | 2,48 ± 0,39 | ** | 71,47 ± 4,15 | ** | 5,99 ± 0,56 | ** | 1,71 ± 0,11 | 1,65 ± 0,26 | NSG |
| PHG47 | 1,04 ± 0,32 | ** | 72,65 ± 3,76 | ** | 7,48 ± 0,49 | ** | 1,41 ± 0,09 | 2,05 ± 0,24 | NSG |
| SD44 | 1,99 ± 0,39 | ** | 66,14 ± 4,15 | ** | 6,32 ± 0,56 | ** | 1,45 ± 0,11 | 1,96 ± 0,26 | NSG |
| SD46 | 1,94 ± 0,39 | ** | 72,82 ± 4,15 | ** | 6,46 ± 0,56 | ** | 1,32 ± 0,11 | 1,55 ± 0,26 | NSG |
| LH168 | 1,19 ± 0,39 | ** | 79,15 ± 4,15 | ** | 6,38 ± 0,63 | ** | 1,64 ± 0,12 | 2,21 ± 0,30 | SGC |
| PHEW7 | 2,33 ± 0,39 | ** | 71,74 ± 4,15 | ** | 6,56 ± 0,56 | ** | 1,22 ± 0,11 | 1,36 ± 0,26 | SGC |
| SGFT-NSGT | 0,60 ± 0,10 | ** | 3,15 ± 0,90 | ** | -0,24 ± 0,16 | | 0,06 ± 0,04 | -0,26 ± 0,07 | ** |
| SGFP-SGFT | -0,19 ± 0,15 | | -2,62 ± 1,32 | * | 0,23 ± 0,23 | | -0,13 ± 0,06 | 0,13 ± 0,11 | |
| SGFP-NSGP | 0,51 ± 0,14 | ** | 1,06 ± 1,25 | | -0,03 ± 0,22 | | -0,08 ± 0,05 | -0,16 ± 0,10 | |
| SGFT-NSGP | 0,70 ± 0,11 | ** | 3,68 ± 0,94 | ** | -0,26 ± 0,17 | | 0,05 ± 0,04 | -0,29 ± 0,08 | ** |

4.1.3 Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia tardía.

En el análisis de varianza combinado realizado para este grupo de líneas, se encontraron diferencias significativas ($P \leq 0,01$ y $P \leq 0,05$) entre líneas para todos los caracteres evaluados (Tablas 4.7, 4.8 y 4.9). De las 73 líneas evaluadas, 34 presentaron SG funcional y de estas 14 fueron clasificadas como SGFT (valores de fotosíntesis a los 75 ddff significativos) y 20 líneas como SGFP (valores elevados de fotosíntesis a los 60 ddff). Las 39 líneas restantes fueron NSG, de las cuales siete presentaron SGC (Tabla 4.7).

Al realizar la comparación de medias entre líneas con SG funcional y no funcional, se encontraron diferencias significativas en la mayoría de caracteres evaluados, a excepción de contenido de clorofila en floración, número de hileras de granos en la mazorca y contenido de proteína en el grano (Tablas 4.7, 4.8 y 4.9).

Las líneas con SG funcional presentaron un rango de producción desde 1,92 hasta 7,08 t · ha⁻¹. El rendimiento promedio de estas líneas fue de 4,15 t · ha⁻¹; mientras que, en las líneas NSG fue de 3,54 t · ha⁻¹. La línea PHR58 (SGFP), mostró mayor rendimiento con 7,08 t · ha⁻¹, seguido por las líneas PHW51, LH181, PHP85, LH213 y PHAW6 que presentaron rendimientos promedios de 6,26, 6,22, 5,15, 5,10 y 5,04 t · ha⁻¹, respectivamente; por el contrario, la línea PA8640 (SGFT) fue la menos productiva (1,92 t · ha⁻¹). El rango de producción de las líneas NSG varió desde 0,68 hasta 6,60 t · ha⁻¹, observado en las líneas NC292 y Lo904, respectivamente (Tabla 4.8).

El 78.5% de las líneas con SGFT presentaron humedad del grano superior al 30% en la cosecha; mientras que el 70% de líneas con SGFP presentaron porcentajes inferiores al 30% en la cosecha. Las líneas con SGFP más productivas PHR58 y LH181, mostraron promedios de humedad del grano de 29,37 y 26,67%, considerados altos; sin embargo, se encuentran por debajo de la media de las líneas con SGFT (humedad mayor de 30%) (Tabla 4.8).

En lo referente al rendimiento de biomasa, las líneas con SG funcional PHW79, PHR58, PHP85 y PHT60 mostraron los rendimientos más altos, con promedios de 4,30, 4,18, 4,05 y 4,02 t · ha⁻¹, respectivamente. Adicionalmente, estas líneas presentaron humedad de biomasa entre el 61,1 y 70% (Tabla 4.9).

El porcentaje de proteína en el grano fue superior al de la biomasa y osciló entre 7,46 y 13,25%; mientras que en la biomasa fue desde 4,83 a 10,44% (Tablas 4.8 y 4.9).

Al igual que los dos grupos de líneas anteriormente estudiados (senescencia precoz y media), el grupo de líneas tardías, también presentó promedios superiores del contenido de clorofila y tasa fotosintética en las líneas con SG funcional en comparación con los promedios de las líneas NSG, con la diferencia de que se observó en este caso un mayor efecto a partir de los 45 ddff. También, dentro del grupo de líneas NSG se observaron líneas que sobresalen del resto, las mismas que fueron identificadas en los análisis como líneas con SG cosmético. En los tres casos estudiados (líneas de senescencia precoz, media y tardía) se ha observado un patrón similar en la disminución del contenido de clorofila y tasa fotosintética durante la senescencia (Gráfico 4.3 A, B).

Al comparar el rendimiento de grano con el rendimiento de biomasa, se observó que la mayoría de líneas con SG funcional que presentaron rendimientos de grano superiores a las 4 t · ha⁻¹, también mostraron alta producción de biomasa (entre 3 y 4 t · ha⁻¹) (Gráfico 4.3 C). Por otro lado, al comparar el llenado del grano con la humedad del mismo, se encontró que la mayoría de líneas con SG funcional que sobrepasaron los 75 días para el llenado del grano, mostraron mayor humedad del grano, observándose un rango de entre 27 y 39% de humedad (Gráfico 4.3 D).

Tabla 4.7 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para dos caracteres fisiológicos, evaluados desde la floración hasta la senescencia en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

| Líneas | Caracteres fisiológicos | | | | | | | | | | SEN |
|--------|-------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|------|------|-----|
| | CLO_1 | CLO_2 | CLO_3 | CLO_4 | FOT_1 | FOT_2 | FOT_3 | FOT_4 | | | |
| B79 | 43,98 ± 3,91 | ** 38,50 ± 4,11 | ** 29,33 ± 3,92 | ** 16,35 ± 2,85 | ** 21,81 ± 1,42 | ** 23,62 ± 2,36 | ** 17,04 ± 2,36 | ** 4,52 ± 1,86 | * | SGFT | |
| EZ18 | 46,32 ± 4,92 | ** 41,71 ± 4,88 | ** 25,56 ± 4,77 | ** 15,51 ± 3,46 | ** 21,49 ± 2,05 | ** 22,94 ± 2,79 | ** 19,35 ± 2,97 | ** 8,66 ± 2,23 | ** | SGFT | |
| EZ52 | 41,36 ± 4,42 | ** 35,50 ± 4,47 | ** 18,84 ± 4,27 | ** 11,19 ± 3,06 | ** 14,56 ± 1,78 | ** 20,42 ± 2,57 | ** 12,83 ± 2,67 | ** 4,03 ± 1,99 | * | SGFT | |
| LH213 | 45,55 ± 3,91 | ** 44,12 ± 4,11 | ** 31,40 ± 3,92 | ** 10,30 ± 2,85 | ** 17,60 ± 1,42 | ** 18,51 ± 2,36 | ** 16,90 ± 2,36 | ** 4,08 ± 1,86 | * | SGFT | |
| LH51 | 25,31 ± 4,92 | ** 24,42 ± 4,88 | ** 14,09 ± 4,78 | ** 7,81 ± 3,46 | ** 16,00 ± 2,05 | ** 17,90 ± 2,79 | ** 16,34 ± 2,97 | ** 5,73 ± 2,23 | * | SGFT | |
| PA8637 | 45,66 ± 4,42 | ** 41,18 ± 4,47 | ** 28,66 ± 4,27 | ** 14,35 ± 3,06 | ** 19,98 ± 1,78 | ** 19,93 ± 2,57 | ** 13,86 ± 2,67 | ** 4,92 ± 1,99 | * | SGFT | |
| PA8640 | 41,83 ± 4,42 | ** 35,36 ± 4,47 | ** 18,10 ± 4,27 | ** 7,07 ± 3,06 | ** 19,94 ± 1,78 | ** 16,55 ± 2,57 | ** 11,68 ± 2,67 | ** 3,95 ± 1,99 | * | SGFT | |
| PHAW6 | 51,41 ± 4,42 | ** 45,73 ± 4,47 | ** 26,38 ± 4,27 | ** 13,17 ± 3,06 | ** 19,71 ± 1,78 | ** 21,28 ± 2,57 | ** 16,94 ± 2,67 | ** 9,72 ± 1,99 | ** | SGFT | |
| PHH9 | 52,27 ± 4,16 | ** 45,84 ± 4,33 | ** 32,18 ± 4,25 | ** 12,98 ± 3,14 | ** 19,22 ± 1,54 | ** 20,76 ± 2,47 | ** 18,03 ± 2,52 | ** 6,75 ± 2,04 | ** | SGFT | |
| PHP38 | 50,54 ± 3,79 | ** 37,02 ± 4,03 | ** 25,92 ± 3,83 | ** 6,17 ± 2,79 | ** 21,45 ± 1,34 | ** 21,29 ± 2,31 | ** 17,23 ± 2,29 | ** 5,32 ± 1,83 | ** | SGFT | |
| PHP85 | 38,46 ± 4,42 | ** 34,78 ± 4,47 | ** 23,46 ± 4,27 | ** 14,97 ± 3,06 | ** 19,99 ± 1,78 | ** 24,08 ± 2,57 | ** 17,07 ± 2,67 | ** 5,02 ± 1,99 | * | SGFT | |
| PHT60 | 33,50 ± 3,79 | ** 30,69 ± 4,03 | ** 21,06 ± 3,83 | ** 7,70 ± 2,79 | ** 23,50 ± 1,34 | ** 21,73 ± 2,31 | ** 17,24 ± 2,29 | ** 5,64 ± 1,83 | ** | SGFT | |
| PHW52 | 53,67 ± 4,42 | ** 44,09 ± 4,47 | ** 31,04 ± 4,27 | ** 7,99 ± 3,06 | ** 19,88 ± 1,78 | ** 25,05 ± 2,57 | ** 18,52 ± 2,67 | ** 4,93 ± 1,99 | * | SGFT | |
| PHW79 | 49,84 ± 3,79 | ** 47,41 ± 4,03 | ** 35,70 ± 3,83 | ** 24,48 ± 2,79 | ** 16,27 ± 1,34 | ** 21,81 ± 2,31 | ** 18,65 ± 2,29 | ** 9,26 ± 1,83 | ** | SGFT | |
| B37 | 52,71 ± 3,79 | ** 42,10 ± 4,03 | ** 24,34 ± 3,83 | ** 3,12 ± 2,79 | ** 22,04 ± 1,34 | ** 21,66 ± 2,31 | ** 13,78 ± 2,29 | ** 1,02 ± 1,83 | SGFP | | |
| F64 | 32,45 ± 4,42 | ** 19,22 ± 4,47 | ** 6,58 ± 4,27 | ** 0,96 ± 3,06 | ** 20,22 ± 1,78 | ** 17,44 ± 2,57 | ** 11,77 ± 2,67 | ** 0,78 ± 1,99 | SGFP | | |
| LH181 | 50,46 ± 4,42 | ** 48,00 ± 4,47 | ** 25,13 ± 4,27 | ** 0,00 ± 3,06 | ** 20,69 ± 1,78 | ** 21,85 ± 2,57 | ** 14,68 ± 2,67 | ** -0,10 ± 1,99 | SGFP | | |
| LH200 | 60,40 ± 4,42 | ** 52,18 ± 4,47 | ** 33,30 ± 4,27 | ** 3,14 ± 3,06 | ** 21,45 ± 1,78 | ** 20,40 ± 2,57 | ** 12,47 ± 2,67 | ** 0,99 ± 1,99 | SGFP | | |
| LH224 | 46,35 ± 4,92 | ** 42,72 ± 4,88 | ** 25,25 ± 4,78 | ** 0,75 ± 3,46 | ** 17,61 ± 2,05 | ** 20,88 ± 2,79 | ** 12,74 ± 2,97 | ** -0,10 ± 2,23 | SGFP | | |
| LH65 | 29,42 ± 4,92 | ** 27,35 ± 4,88 | ** 13,91 ± 4,78 | ** 0,75 ± 3,46 | ** 14,62 ± 2,05 | ** 17,66 ± 2,79 | ** 12,53 ± 2,97 | ** -0,10 ± 2,23 | SGFP | | |
| N209 | 28,66 ± 4,42 | ** 29,30 ± 4,47 | ** 17,06 ± 4,27 | ** 4,01 ± 3,06 | ** 24,11 ± 1,78 | ** 25,89 ± 2,57 | ** 14,77 ± 2,67 | ** 2,36 ± 1,99 | SGFP | | |
| PA8634 | 35,97 ± 4,42 | ** 30,23 ± 4,47 | ** 18,33 ± 4,27 | ** 3,61 ± 3,06 | ** 17,42 ± 1,78 | ** 18,05 ± 2,57 | ** 13,08 ± 2,67 | ** 2,22 ± 1,99 | SGFP | | |
| PHB4 | 40,26 ± 4,16 | ** 31,61 ± 4,33 | ** 15,51 ± 4,25 | ** 4,46 ± 3,14 | ** 23,81 ± 1,54 | ** 24,10 ± 2,47 | ** 15,26 ± 2,52 | ** 3,13 ± 2,04 | SGFP | | |
| PHJ70 | 54,24 ± 4,92 | ** 49,15 ± 4,88 | ** 32,73 ± 4,78 | ** 0,75 ± 3,46 | ** 15,93 ± 2,05 | ** 19,65 ± 2,79 | ** 15,41 ± 2,97 | ** -0,06 ± 2,23 | SGFP | | |
| PHK35 | 50,13 ± 4,92 | ** 41,84 ± 4,88 | ** 23,35 ± 4,78 | ** 5,82 ± 3,46 | ** 23,30 ± 2,05 | ** 22,42 ± 2,79 | ** 14,49 ± 2,97 | ** 4,01 ± 2,23 | SGFP | | |
| PHN73 | 24,62 ± 3,79 | ** 20,22 ± 4,03 | ** 7,58 ± 3,83 | ** 0,87 ± 2,79 | ** 22,16 ± 1,34 | ** 18,69 ± 2,31 | ** 11,93 ± 2,29 | ** 0,94 ± 1,83 | SGFP | | |
| PHPR5 | 48,26 ± 4,42 | ** 45,97 ± 4,47 | ** 27,04 ± 4,27 | ** 5,72 ± 3,06 | ** 22,41 ± 1,78 | ** 23,82 ± 2,57 | ** 13,46 ± 2,67 | ** 1,13 ± 1,99 | SGFP | | |
| PHR58 | 51,15 ± 4,42 | ** 43,98 ± 4,47 | ** 29,80 ± 4,27 | ** 3,11 ± 3,06 | ** 21,57 ± 1,78 | ** 23,79 ± 2,57 | ** 14,71 ± 2,67 | ** 2,88 ± 1,99 | SGFP | | |
| PHT47 | 48,12 ± 4,42 | ** 35,12 ± 4,47 | ** 21,39 ± 4,27 | ** 3,82 ± 3,06 | ** 22,71 ± 1,78 | ** 23,25 ± 2,57 | ** 15,18 ± 2,67 | ** 2,10 ± 1,99 | SGFP | | |
| PHW07 | 29,76 ± 4,42 | ** 23,96 ± 4,47 | ** 11,92 ± 4,27 | ** 4,64 ± 3,06 | ** 20,83 ± 1,78 | ** 20,20 ± 2,57 | ** 13,52 ± 2,67 | ** 3,77 ± 1,99 | SGFP | | |
| PHW51 | 53,95 ± 4,42 | ** 43,30 ± 4,47 | ** 18,13 ± 4,27 | ** 3,77 ± 3,06 | ** 19,89 ± 1,78 | ** 22,20 ± 2,57 | ** 16,34 ± 2,67 | ** 2,40 ± 1,99 | SGFP | | |
| PHW53 | 31,70 ± 4,92 | ** 25,34 ± 4,88 | ** 13,24 ± 4,77 | ** 3,23 ± 3,46 | ** 22,66 ± 2,05 | ** 23,28 ± 2,79 | ** 16,39 ± 2,97 | ** 3,01 ± 2,23 | SGFP | | |
| SD45 | 38,73 ± 7,83 | ** 34,82 ± 7,35 | ** 19,25 ± 7,68 | ** 2,25 ± 5,72 | ** 29,38 ± 3,50 | ** 22,63 ± 4,15 | ** 19,8 ± 4,76 | ** 1,45 ± 3,62 | SGFP | | |
| WIL903 | 41,41 ± 4,42 | ** 41,14 ± 4,47 | ** 24,20 ± 4,27 | ** 3,43 ± 3,06 | ** 22,19 ± 1,78 | ** 22,50 ± 2,57 | ** 16,06 ± 2,67 | ** 0,79 ± 1,99 | SGFP | | |
| B106 | 31,33 ± 6,37 | ** 24,44 ± 6,24 | ** 7,42 ± 6,68 | ** 2,25 ± 5,14 | ** 19,73 ± 2,61 | ** 17,55 ± 3,49 | ** 5,14 ± 3,90 | ** 1,51 ± 3,25 | NSG | | |
| B109 | 52,61 ± 3,91 | ** 44,82 ± 4,11 | ** 18,99 ± 3,92 | ** 0,12 ± 2,85 | ** 20,95 ± 1,42 | ** 18,02 ± 2,36 | ** 6,99 ± 2,36 | ** 0,05 ± 1,86 | NSG | | |
| B66 | 38,93 ± 4,42 | ** 34,07 ± 4,47 | ** 11,13 ± 4,27 | ** 0,00 ± 3,06 | ** 21,51 ± 1,78 | ** 19,04 ± 2,57 | ** 4,31 ± 2,67 | ** -0,10 ± 1,99 | NSG | | |
| B73 | 43,28 ± 3,79 | ** 38,20 ± 4,03 | ** 17,69 ± 3,83 | ** 0,00 ± 2,79 | ** 22,70 ± 1,34 | ** 19,82 ± 2,31 | ** 7,66 ± 2,29 | ** 0,00 ± 1,83 | NSG | | |
| B97 | 46,20 ± 4,42 | ** 33,47 ± 4,47 | ** 20,70 ± 4,27 | ** 2,01 ± 3,06 | ** 16,97 ± 1,78 | ** 17,48 ± 2,57 | ** 11,35 ± 2,67 | ** 0,90 ± 1,99 | NSG | | |
| EZ13 | 32,88 ± 4,42 | ** 22,51 ± 4,47 | ** 13,86 ± 4,27 | ** 0,00 ± 3,06 | ** 16,95 ± 1,78 | ** 15,19 ± 2,57 | ** 10,46 ± 2,67 | ** 0,00 ± 1,99 | NSG | | |

Tabla 4.7 (Continuación) Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para dos caracteres fisiológicos, evaluados desde la floración hasta la senescencia en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

| Líneas | CLO_1 | CLO_2 | CLO_3 | CLO_4 | FOT_1 | FOT_2 | FOT_3 | FOT_4 | SEN |
|-----------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-----|
| F04703 | 38,13 ± 4,42 | 33,92 ± 4,47 | 14,38 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 18,26 ± 1,78 | 17,82 ± 2,57 | 11,65 ± 2,67 | 0,10 ± 1,99 | NSG |
| I205 | 49,46 ± 4,92 | 31,62 ± 4,88 | 4,77 ± 4,77 | 0,75 ± 3,46 | 19,78 ± 2,05 | 12,91 ± 2,79 | 2,21 ± 2,97 | 0,07 ± 2,23 | NSG |
| LH128 | 38,05 ± 3,79 | 34,03 ± 4,03 | 18,05 ± 3,83 | 1,85 ± 2,79 | 16,15 ± 1,34 | 15,80 ± 2,31 | 8,67 ± 2,29 | 1,60 ± 1,83 | NSG |
| LH190 | 48,95 ± 3,79 | 43,19 ± 4,03 | 22,53 ± 3,83 | 0,00 ± 2,79 | 22,48 ± 1,34 | 21,47 ± 2,31 | 11,22 ± 2,29 | 0,00 ± 1,83 | NSG |
| LH192 | 40,98 ± 4,42 | 30,39 ± 4,47 | 17,98 ± 4,27 | 3,00 ± 3,06 | 21,57 ± 1,78 | 17,96 ± 2,57 | 10,69 ± 2,67 | 2,59 ± 1,99 | NSG |
| LH206 | 55,99 ± 3,79 | 54,20 ± 4,03 | 14,31 ± 3,83 | 0,00 ± 2,79 | 18,94 ± 1,34 | 19,83 ± 2,31 | 3,40 ± 2,29 | 0,00 ± 1,83 | NSG |
| LH208 | 43,87 ± 4,42 | 32,27 ± 4,47 | 5,59 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 17,92 ± 1,78 | 12,71 ± 2,57 | 4,45 ± 2,67 | 0,10 ± 1,99 | NSG |
| LH210 | 41,09 ± 4,42 | 36,25 ± 4,47 | 21,43 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 18,58 ± 1,78 | 13,59 ± 2,57 | 10,59 ± 2,67 | -0,10 ± 1,99 | NSG |
| LH216 | 32,64 ± 4,42 | 30,92 ± 4,47 | 17,88 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 16,21 ± 1,78 | 20,11 ± 2,57 | 11,50 ± 2,67 | 0,00 ± 1,99 | NSG |
| LH82 | 27,27 ± 4,42 | 19,22 ± 4,47 | 2,15 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 22,00 ± 1,78 | 17,47 ± 2,57 | 1,68 ± 2,67 | -0,10 ± 1,99 | NSG |
| Lo904 | 47,11 ± 4,42 | 42,36 ± 4,47 | 22,11 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 22,75 ± 1,78 | 22,06 ± 2,57 | 10,36 ± 2,67 | 0,00 ± 1,99 | NSG |
| Mo17 | 33,81 ± 3,79 | 27,10 ± 4,03 | 14,56 ± 3,83 | 0,00 ± 2,79 | 15,12 ± 1,34 | 19,13 ± 2,31 | 6,79 ± 2,29 | 0,00 ± 1,83 | NSG |
| Mo20W | 46,67 ± 4,92 | 38,50 ± 4,88 | 20,39 ± 4,78 | 0,75 ± 3,46 | 18,13 ± 2,05 | 18,15 ± 2,79 | 9,80 ± 2,97 | -0,10 ± 2,23 | NSG |
| NC292 | 35,97 ± 4,92 | 26,75 ± 4,88 | 11,09 ± 4,77 | 0,75 ± 3,46 | 19,13 ± 2,05 | 15,39 ± 2,79 | 7,65 ± 2,97 | 0,07 ± 2,23 | NSG |
| Oh3167b | 47,35 ± 3,79 | 38,02 ± 4,03 | 14,16 ± 3,83 | 0,00 ± 2,79 | 20,77 ± 1,34 | 17,46 ± 2,31 | 5,70 ± 2,29 | 0,00 ± 1,83 | NSG |
| PA8638 | 35,63 ± 4,42 | 28,55 ± 4,47 | 13,71 ± 4,27 | 5,53 ± 3,46 | 19,07 ± 1,78 | 20,52 ± 2,57 | 6,50 ± 2,67 | 1,95 ± 1,99 | NSG |
| PHB83 | 45,13 ± 4,92 | 40,36 ± 4,88 | 17,60 ± 4,77 | 0,75 ± 3,46 | 20,96 ± 2,05 | 19,03 ± 2,79 | 2,77 ± 2,97 | 0,03 ± 2,23 | NSG |
| PHK29 | 37,86 ± 4,92 | 34,27 ± 4,88 | 22,31 ± 4,77 | 0,75 ± 3,46 | 22,86 ± 2,05 | 17,16 ± 2,79 | 9,07 ± 2,97 | 0,07 ± 2,23 | NSG |
| PHM10 | 48,82 ± 4,92 | 36,41 ± 4,88 | 4,59 ± 4,78 | 0,75 ± 3,46 | 20,31 ± 2,05 | 21,54 ± 2,79 | 0,75 ± 2,97 | -0,10 ± 2,23 | NSG |
| PHR61 | 59,8 ± 4,92 | 45,10 ± 4,88 | 16,28 ± 4,77 | 3,02 ± 3,46 | 19,81 ± 2,05 | 21,16 ± 2,79 | 10,42 ± 2,97 | 3,27 ± 2,23 | NSG |
| PHT10 | 48,37 ± 4,42 | 42,85 ± 4,47 | 25,50 ± 4,27 | 3,43 ± 3,06 | 17,84 ± 1,78 | 19,36 ± 2,57 | 10,46 ± 2,67 | 0,74 ± 1,99 | NSG |
| PHT11 | 47,62 ± 4,42 | 28,19 ± 4,47 | 13,09 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 21,03 ± 1,78 | 19,68 ± 2,57 | 6,95 ± 2,67 | 0,00 ± 1,99 | NSG |
| PHV78 | 42,34 ± 4,42 | 42,74 ± 4,47 | 17,74 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 23,46 ± 1,78 | 21,99 ± 2,57 | 8,59 ± 2,67 | 0,00 ± 1,99 | NSG |
| SD40 | 41,03 ± 4,92 | 24,24 ± 4,88 | 9,77 ± 4,78 | 0,75 ± 3,46 | 21,59 ± 2,05 | 16,25 ± 2,79 | 7,13 ± 2,97 | -0,10 ± 2,23 | NSG |
| SD41 | 33,95 ± 4,42 | 27,74 ± 4,47 | 12,77 ± 4,27 | 0,00 ± 3,06 | 19,14 ± 1,78 | 16,60 ± 2,57 | 6,71 ± 2,67 | -0,10 ± 1,99 | NSG |
| Va35 | 46,02 ± 4,42 | 38,10 ± 4,47 | 20,73 ± 4,27 | 5,74 ± 3,06 | 18,63 ± 1,78 | 18,64 ± 2,57 | 9,47 ± 2,67 | 2,95 ± 1,99 | NSG |
| B104 | 42,60 ± 4,92 | 38,17 ± 4,88 | 34,86 ± 4,77 | 12,60 ± 3,46 | 23,57 ± 2,05 | 25,76 ± 2,79 | 19,35 ± 2,97 | 3,59 ± 2,23 | SGC |
| B14a | 52,38 ± 3,79 | 48,02 ± 4,03 | 36,12 ± 3,83 | 5,79 ± 2,79 | 19,95 ± 1,34 | 20,62 ± 2,31 | 15,60 ± 2,29 | 1,73 ± 1,83 | SGC |
| B94 | 45,73 ± 7,83 | 40,44 ± 7,35 | 34,07 ± 7,68 | 12,25 ± 5,72 | 17,04 ± 3,50 | 18,53 ± 4,15 | 9,68 ± 4,76 | 4,57 ± 3,62 | SGC |
| LH195 | 52,85 ± 4,42 | 48,64 ± 4,47 | 38,19 ± 4,27 | 8,65 ± 3,06 | 20,64 ± 1,78 | 22,55 ± 2,57 | 18,12 ± 2,67 | 3,15 ± 1,99 | SGC |
| N551 | 46,67 ± 7,83 | 51,70 ± 7,35 | 34,89 ± 7,68 | 18,83 ± 5,72 | 19,79 ± 3,50 | 24,91 ± 4,15 | 19,95 ± 4,76 | 5,37 ± 3,62 | SGC |
| PHB89 | 54,13 ± 3,79 | 49,34 ± 4,03 | 34,61 ± 3,83 | 6,24 ± 2,79 | 20,22 ± 1,34 | 23,49 ± 2,31 | 18,46 ± 2,29 | 1,79 ± 1,83 | SGC |
| PHN82 | 46,12 ± 4,42 | 43,73 ± 4,47 | 26,09 ± 4,27 | 7,16 ± 3,06 | 19,13 ± 1,78 | 22,90 ± 2,57 | 15,51 ± 2,67 | 3,83 ± 1,99 | SGC |
| SGFT-NSGT | 1,16 ± 1,46 | 2,93 ± 1,41 | 8,08 ± 1,38 | 10,06 ± 0,79 | -0,45 ± 0,53 | 1,63 ± 0,58 | 6,05 ± 0,77 | 4,71 ± 0,39 | ** |
| SGFP-SGFT | -2,64 ± 1,73 | -3,84 ± 1,64 | -7,26 ± 1,43 | -9,29 ± 2,76 | 1,56 ± 0,63 | 0,17 ± 0,65 | -2,62 ± 0,75 | -4,05 ± 1,94 | ** |
| SGFP-NSGP | -0,91 ± 1,47 | 0,39 ± 1,40 | 4,20 ± 1,22 | 2,30 ± 2,72 | 1,76 ± 0,54 | 3,36 ± 0,55 | 6,65 ± 0,64 | 1,28 ± 1,92 | ** |
| SGFT-NSGP | 1,74 ± 1,55 | 4,23 ± 1,47 | 11,46 ± 1,28 | 11,59 ± 2,73 | 0,20 ± 0,57 | 3,19 ± 0,58 | 9,27 ± 0,67 | 5,32 ± 1,93 | * |

CLO_1, CLO_2, CLO_3, CLO_4 = índice de clorofila evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; FOT_1, FOT_2, FOT_3, FOT_4 = tasa fotosintética (μmol CO₂ · m⁻² · s⁻¹) evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddf); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddf); NSGT = stay green no funcional (75 ddf); NSGP = stay green no funcional (60 ddf); SGC = stay green cosmético; *, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.8 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para siete caracteres agronómicos, evaluados en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

| Líneas | Caracteres agronómicos (rendimiento, sus componentes y relacionados con el grano) | | | | | | | | | | SEN |
|--------|---|--------------|--------------|----------------|--------------|--------------|--------------|----|----|------|-----|
| | RG | LONGMZ | NUMHIL | P1000K | LLEGRA | HUMG | PROTG | | | | |
| B79 | 3,28 ± 0,71 | 13,18 ± 0,96 | 17,90 ± 0,46 | 252,76 ± 17,63 | 80,05 ± 2,34 | 34,08 ± 1,55 | 10,67 ± 0,37 | ** | ** | SGFT | |
| EZ18 | 2,98 ± 0,89 | 19,52 ± 1,12 | 15,74 ± 0,59 | 286,87 ± 20,47 | 77,73 ± 2,95 | 31,60 ± 1,77 | 13,25 ± 0,47 | ** | ** | SGFT | |
| EZ52 | 3,15 ± 0,80 | 14,25 ± 1,05 | 13,68 ± 0,53 | 233,07 ± 19,02 | 80,70 ± 2,57 | 34,29 ± 1,64 | 10,42 ± 0,42 | ** | ** | SGFT | |
| LH213 | 5,10 ± 0,71 | 16,38 ± 0,96 | 14,78 ± 0,46 | 251,16 ± 17,63 | 78,02 ± 2,34 | 31,18 ± 1,55 | 8,92 ± 0,37 | ** | ** | SGFT | |
| LH51 | 2,84 ± 0,89 | 16,37 ± 1,12 | 10,33 ± 0,59 | 298,78 ± 20,47 | 79,76 ± 2,95 | 32,01 ± 1,77 | 8,85 ± 0,47 | ** | ** | SGFT | |
| PA8637 | 3,65 ± 0,80 | 13,19 ± 1,05 | 12,94 ± 0,53 | 330,26 ± 19,02 | 79,93 ± 2,57 | 36,53 ± 1,64 | 9,92 ± 0,42 | ** | ** | SGFT | |
| PA8640 | 1,92 ± 0,80 | 11,82 ± 1,05 | 12,28 ± 0,53 | 318,32 ± 19,02 | 81,20 ± 2,57 | 34,86 ± 1,64 | 9,81 ± 0,42 | ** | ** | SGFT | |
| PHAW6 | 5,04 ± 0,80 | 13,77 ± 1,05 | 14,74 ± 0,53 | 248,63 ± 19,02 | 77,93 ± 2,57 | 30,30 ± 1,64 | 9,71 ± 0,42 | ** | ** | SGFT | |
| PHHH9 | 3,28 ± 0,75 | 11,43 ± 0,99 | 16,60 ± 0,49 | 316,11 ± 18,35 | 81,94 ± 2,61 | 34,12 ± 1,62 | 7,92 ± 0,40 | ** | ** | SGFT | |
| PHP38 | 4,30 ± 0,69 | 14,95 ± 0,94 | 17,15 ± 0,44 | 292,00 ± 17,31 | 84,13 ± 2,28 | 29,57 ± 1,52 | 9,49 ± 0,36 | ** | ** | SGFT | |
| PHP85 | 5,15 ± 0,80 | 13,40 ± 1,05 | 14,34 ± 0,53 | 353,38 ± 19,02 | 82,18 ± 2,57 | 35,01 ± 1,64 | 7,94 ± 0,42 | ** | ** | SGFT | |
| PHT60 | 3,85 ± 0,69 | 13,99 ± 0,94 | 12,40 ± 0,44 | 269,94 ± 17,31 | 80,63 ± 2,28 | 30,77 ± 1,52 | 9,71 ± 0,36 | ** | ** | SGFT | |
| PHW52 | 4,81 ± 0,80 | 15,45 ± 1,05 | 15,28 ± 0,53 | 262,07 ± 19,02 | 83,20 ± 2,57 | 32,80 ± 1,64 | 7,46 ± 0,42 | ** | ** | SGFT | |
| PHW79 | 4,68 ± 0,69 | 15,48 ± 0,94 | 13,55 ± 0,44 | 315,56 ± 17,31 | 83,50 ± 2,28 | 32,59 ± 1,52 | 8,25 ± 0,36 | ** | ** | SGFT | |
| B37 | 3,81 ± 0,69 | 15,45 ± 0,94 | 15,32 ± 0,44 | 267,19 ± 17,31 | 78,00 ± 2,28 | 29,42 ± 1,52 | 9,46 ± 0,36 | ** | ** | SGFP | |
| F64 | 3,10 ± 0,80 | 11,24 ± 1,05 | 13,98 ± 0,53 | 248,07 ± 19,02 | 73,95 ± 2,57 | 29,52 ± 1,64 | 10,19 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| LH181 | 6,22 ± 0,80 | 13,82 ± 1,05 | 12,36 ± 0,53 | 265,74 ± 19,02 | 75,57 ± 2,57 | 26,67 ± 1,64 | 9,42 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| LH200 | 5,11 ± 0,80 | 14,56 ± 1,05 | 16,02 ± 0,53 | 275,81 ± 19,02 | 78,30 ± 2,57 | 29,81 ± 1,64 | 8,98 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| LH224 | 3,85 ± 0,89 | 15,73 ± 1,12 | 12,73 ± 0,59 | 286,12 ± 20,47 | 82,09 ± 2,95 | 22,18 ± 1,77 | 9,59 ± 0,47 | ** | ** | SGFP | |
| LH65 | 2,42 ± 0,89 | 13,47 ± 1,12 | 10,33 ± 0,59 | 292,78 ± 20,47 | 73,09 ± 2,95 | 31,26 ± 1,77 | 10,38 ± 0,47 | ** | ** | SGFP | |
| N209 | 4,71 ± 0,80 | 14,01 ± 1,05 | 16,12 ± 0,53 | 228,43 ± 19,02 | 79,55 ± 2,57 | 34,35 ± 1,64 | 8,67 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PA8634 | 2,60 ± 0,80 | 13,05 ± 1,05 | 12,24 ± 0,53 | 335,88 ± 19,02 | 81,18 ± 2,57 | 34,66 ± 1,64 | 10,02 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PHHB4 | 3,40 ± 0,75 | 14,17 ± 0,99 | 14,40 ± 0,49 | 296,44 ± 18,35 | 79,11 ± 2,61 | 29,11 ± 1,62 | 8,84 ± 0,40 | ** | ** | SGFP | |
| PHJ70 | 5,27 ± 0,89 | 14,12 ± 1,12 | 19,46 ± 0,59 | 218,84 ± 20,47 | 82,15 ± 2,95 | 32,08 ± 1,77 | 8,85 ± 0,47 | ** | ** | SGFP | |
| PHK35 | 3,88 ± 0,89 | 14,99 ± 1,12 | 16,12 ± 0,59 | 236,68 ± 20,47 | 75,48 ± 2,95 | 27,98 ± 1,77 | 8,53 ± 0,47 | ** | ** | SGFP | |
| PHN73 | 3,24 ± 0,69 | 14,16 ± 0,94 | 13,30 ± 0,44 | 314,56 ± 17,31 | 74,85 ± 2,34 | 22,71 ± 1,52 | 9,71 ± 0,36 | ** | ** | SGFP | |
| PHPR5 | 4,96 ± 0,80 | 15,60 ± 1,05 | 14,96 ± 0,53 | 300,37 ± 19,02 | 85,32 ± 2,57 | 29,98 ± 1,64 | 10,47 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PHR58 | 7,08 ± 0,80 | 18,23 ± 1,05 | 14,00 ± 0,53 | 256,37 ± 19,02 | 76,32 ± 2,57 | 29,37 ± 1,64 | 8,67 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PHT47 | 5,98 ± 0,80 | 19,06 ± 1,05 | 16,14 ± 0,53 | 290,13 ± 19,02 | 84,68 ± 2,57 | 29,81 ± 1,64 | 9,10 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PHV07 | 4,11 ± 0,80 | 16,28 ± 1,05 | 12,44 ± 0,53 | 232,63 ± 19,02 | 80,93 ± 2,57 | 29,94 ± 1,64 | 8,08 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PHW51 | 6,26 ± 0,80 | 16,97 ± 1,05 | 14,38 ± 0,53 | 261,69 ± 19,02 | 81,45 ± 2,57 | 27,34 ± 1,64 | 8,72 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| PHW53 | 3,90 ± 0,89 | 15,28 ± 1,12 | 15,21 ± 0,59 | 240,03 ± 20,47 | 83,40 ± 2,95 | 27,07 ± 1,77 | 9,17 ± 0,47 | ** | ** | SGFP | |
| SD45 | 2,98 ± 1,39 | 13,57 ± 1,59 | 13,27 ± 0,97 | 247,17 ± 29,59 | 75,00 ± 5,06 | 35,29 ± 2,56 | 10,44 ± 0,76 | ** | ** | SGFP | |
| WIL903 | 4,30 ± 0,80 | 14,33 ± 1,05 | 11,32 ± 0,53 | 298,18 ± 19,02 | 79,80 ± 2,57 | 32,26 ± 1,64 | 9,31 ± 0,42 | ** | ** | SGFP | |
| B106 | 3,88 ± 1,12 | 16,26 ± 1,31 | 11,16 ± 0,78 | 204,01 ± 25,09 | 62,09 ± 4,46 | 27,53 ± 2,24 | 9,66 ± 0,62 | ** | ** | NSG | |
| B109 | 3,73 ± 0,71 | 14,82 ± 0,96 | 16,01 ± 0,46 | 240,55 ± 17,63 | 81,76 ± 2,34 | 32,22 ± 1,55 | 8,37 ± 0,37 | ** | ** | NSG | |
| B66 | 1,70 ± 0,80 | 13,25 ± 1,05 | 11,01 ± 0,53 | 218,62 ± 19,02 | 70,57 ± 2,57 | 27,98 ± 1,64 | 11,47 ± 0,42 | ** | ** | NSG | |
| B73 | 3,85 ± 0,69 | 12,29 ± 0,94 | 17,30 ± 0,44 | 233,81 ± 17,31 | 76,63 ± 2,28 | 29,67 ± 1,52 | 8,11 ± 0,36 | ** | ** | NSG | |
| B97 | 4,65 ± 0,80 | 14,07 ± 1,05 | 13,44 ± 0,53 | 278,13 ± 19,02 | 76,43 ± 2,57 | 30,05 ± 1,64 | 9,46 ± 0,42 | ** | ** | NSG | |
| EZ13 | 3,49 ± 0,80 | 15,67 ± 1,05 | 12,88 ± 0,53 | 228,82 ± 19,02 | 84,45 ± 2,57 | 28,36 ± 1,64 | 9,45 ± 0,42 | ** | ** | NSG | |

Tabla 4.8 (Continuación) Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para siete caracteres agronómicos, evaluados en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

| Líneas | RG | LONGMZ | NUMHIL | P1000K | LLEGRA | HUMG | PROTG | SEN |
|-------------|----------------|-----------------|-----------------|-------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----|
| F04703 | 3,17 ± 0,80 ** | 16,78 ± 1,05 ** | 11,34 ± 0,53 ** | 253,13 ± 19,02 ** | 70,43 ± 2,57 ** | 23,70 ± 1,64 ** | 9,45 ± 0,42 ** | NSG |
| I205 | 0,70 ± 0,89 | 9,63 ± 1,25 ** | 12,48 ± 0,71 ** | 282,94 ± 23,09 ** | 69,46 ± 2,95 ** | 28,24 ± 1,77 ** | 12,46 ± 0,56 ** | NSG |
| LH128 | 3,24 ± 0,69 ** | 13,31 ± 0,94 ** | 13,30 ± 0,44 ** | 211,31 ± 17,31 ** | 78,00 ± 2,28 ** | 28,78 ± 1,52 ** | 7,75 ± 0,36 ** | NSG |
| LH190 | 6,08 ± 0,69 ** | 12,10 ± 0,94 ** | 15,30 ± 0,44 ** | 234,50 ± 17,31 ** | 77,50 ± 2,28 ** | 26,84 ± 1,52 ** | 8,10 ± 0,36 ** | NSG |
| LH192 | 4,05 ± 0,80 ** | 13,38 ± 1,05 ** | 16,06 ± 0,53 ** | 215,87 ± 19,02 ** | 81,82 ± 2,57 ** | 32,51 ± 1,64 ** | 9,28 ± 0,42 ** | NSG |
| LH206 | 3,65 ± 0,69 ** | 13,19 ± 0,94 ** | 13,72 ± 0,44 ** | 244,19 ± 17,31 ** | 74,13 ± 2,28 ** | 22,99 ± 1,52 ** | 10,13 ± 0,36 ** | NSG |
| LH208 | 2,07 ± 0,80 * | 13,83 ± 1,05 ** | 13,47 ± 0,53 ** | 217,63 ± 19,02 ** | 71,18 ± 2,57 ** | 27,22 ± 1,64 ** | 11,09 ± 0,42 ** | NSG |
| LH210 | 3,67 ± 0,80 ** | 13,87 ± 1,05 ** | 12,66 ± 0,53 ** | 301,62 ± 19,02 ** | 77,57 ± 2,57 ** | 34,54 ± 1,64 ** | 9,62 ± 0,42 ** | NSG |
| LH216 | 3,31 ± 0,80 ** | 16,71 ± 1,05 ** | 10,72 ± 0,53 ** | 252,93 ± 19,02 ** | 70,30 ± 2,57 ** | 29,46 ± 1,64 ** | 8,60 ± 0,42 ** | NSG |
| LH82 | 2,99 ± 0,80 ** | 11,19 ± 1,05 ** | 19,76 ± 0,53 ** | 180,87 ± 19,02 ** | 66,57 ± 2,57 ** | 25,82 ± 1,64 ** | 10,15 ± 0,42 ** | NSG |
| Lo904 | 6,60 ± 0,80 ** | 14,20 ± 1,05 ** | 14,72 ± 0,53 ** | 235,43 ± 19,02 ** | 76,55 ± 2,57 ** | 29,98 ± 1,64 ** | 7,68 ± 0,42 ** | NSG |
| Mo17 | 4,60 ± 0,69 ** | 16,72 ± 0,94 ** | 10,58 ± 0,44 ** | 275,38 ± 17,31 ** | 71,50 ± 2,28 ** | 29,91 ± 1,52 ** | 9,04 ± 0,36 ** | NSG |
| Mo20W | 1,95 ± 0,89 * | 13,11 ± 1,25 ** | 15,62 ± 0,71 ** | 186,81 ± 23,09 ** | 73,09 ± 2,95 ** | 31,25 ± 1,77 ** | 10,52 ± 0,56 ** | NSG |
| NC292 | 0,68 ± 0,89 | 8,28 ± 1,25 ** | 15,95 ± 0,71 ** | 262,19 ± 23,09 ** | 78,46 ± 2,95 ** | 31,63 ± 1,77 ** | 11,69 ± 0,56 ** | NSG |
| On3167b | 1,68 ± 0,69 * | 14,37 ± 0,99 ** | 15,30 ± 0,49 ** | 201,50 ± 18,34 ** | 74,63 ± 2,28 ** | 33,44 ± 1,52 ** | 10,93 ± 0,39 ** | NSG |
| PA8638 | 2,53 ± 0,80 ** | 12,41 ± 1,05 ** | 13,52 ± 0,53 ** | 293,06 ± 19,02 ** | 78,80 ± 2,57 ** | 32,51 ± 1,64 ** | 10,00 ± 0,42 ** | NSG |
| PHB83 | 2,37 ± 0,89 ** | 13,75 ± 1,12 ** | 14,94 ± 0,59 ** | 187,20 ± 20,47 ** | 65,40 ± 2,95 ** | 25,95 ± 1,77 ** | 8,29 ± 0,47 ** | NSG |
| PHK29 | 2,66 ± 0,89 ** | 13,60 ± 1,12 ** | 14,86 ± 0,59 ** | 240,26 ± 20,47 ** | 73,12 ± 2,95 ** | 26,35 ± 1,77 ** | 8,37 ± 0,47 ** | NSG |
| PHM10 | 4,49 ± 0,89 ** | 17,59 ± 1,12 ** | 13,66 ± 0,59 ** | 230,28 ± 20,47 ** | 68,42 ± 2,95 ** | 23,23 ± 1,77 ** | 9,67 ± 0,47 ** | NSG |
| PHR61 | 4,89 ± 0,89 ** | 14,94 ± 1,12 ** | 15,66 ± 0,59 ** | 207,59 ± 20,47 ** | 79,79 ± 2,95 ** | 27,01 ± 1,77 ** | 8,78 ± 0,47 ** | NSG |
| PHT10 | 2,48 ± 0,80 ** | 15,05 ± 1,05 ** | 14,74 ± 0,53 ** | 286,49 ± 19,02 ** | 77,57 ± 2,57 ** | 28,14 ± 1,64 ** | 10,37 ± 0,42 ** | NSG |
| PHT11 | 4,46 ± 0,80 ** | 15,40 ± 1,05 ** | 14,78 ± 0,53 ** | 261,32 ± 19,02 ** | 80,70 ± 2,57 ** | 25,81 ± 1,64 ** | 8,92 ± 0,42 ** | NSG |
| PHV78 | 4,70 ± 0,80 ** | 14,03 ± 1,05 ** | 14,02 ± 0,53 ** | 252,18 ± 19,02 ** | 67,55 ± 2,57 ** | 26,79 ± 1,64 ** | 8,00 ± 0,42 ** | NSG |
| SD40 | 3,06 ± 0,89 ** | 14,14 ± 1,12 ** | 12,33 ± 0,59 ** | 232,95 ± 20,47 ** | 73,76 ± 2,95 ** | 28,09 ± 1,77 ** | 9,40 ± 0,47 ** | NSG |
| SD41 | 3,39 ± 0,80 ** | 13,34 ± 1,05 ** | 17,16 ± 0,53 ** | 213,37 ± 19,02 ** | 72,82 ± 2,57 ** | 27,07 ± 1,64 ** | 10,64 ± 0,42 ** | NSG |
| Va35 | 4,55 ± 0,80 ** | 18,05 ± 1,05 ** | 11,42 ± 0,53 ** | 277,93 ± 19,02 ** | 83,80 ± 2,57 ** | 29,64 ± 1,64 ** | 10,08 ± 0,42 ** | NSG |
| B104 | 3,33 ± 0,89 ** | 13,62 ± 1,12 ** | 15,03 ± 0,59 ** | 297,70 ± 20,47 ** | 80,07 ± 2,95 ** | 36,74 ± 1,77 ** | 8,05 ± 0,47 ** | SGC |
| B14a | 1,71 ± 0,69 * | 15,07 ± 0,94 ** | 13,40 ± 0,44 ** | 261,25 ± 17,31 ** | 75,00 ± 2,28 ** | 32,73 ± 1,52 ** | 12,60 ± 0,36 ** | SGC |
| B94 | 2,84 ± 1,39 * | 15,07 ± 1,59 ** | 15,85 ± 0,97 ** | 230,35 ± 29,59 ** | 73,17 ± 5,06 ** | 35,83 ± 2,56 ** | 9,41 ± 0,76 ** | SGC |
| LH195 | 6,34 ± 0,80 ** | 13,84 ± 1,05 ** | 15,72 ± 0,53 ** | 223,43 ± 19,02 ** | 81,55 ± 2,57 ** | 33,17 ± 1,64 ** | 8,53 ± 0,42 ** | SGC |
| N551 | 4,58 ± 1,39 ** | 15,67 ± 1,59 ** | 16,25 ± 0,97 ** | 287,85 ± 29,59 ** | 87,17 ± 5,06 ** | 39,04 ± 2,56 ** | 9,95 ± 0,76 ** | SGC |
| PHB9 | 5,79 ± 0,69 ** | 15,49 ± 0,94 ** | 15,45 ± 0,44 ** | 257,94 ± 17,31 ** | 81,75 ± 2,28 ** | 30,30 ± 1,52 ** | 8,25 ± 0,36 ** | SGC |
| PHN82 | 4,12 ± 0,80 ** | 14,25 ± 1,05 ** | 15,82 ± 0,53 ** | 276,68 ± 19,02 ** | 81,30 ± 2,57 ** | 31,36 ± 1,64 ** | 9,18 ± 0,42 ** | SGC |
| SGFT - NSGT | 0,12 ± 0,24 | -0,13 ± 0,29 | 0,46 ± 0,30 | 33,24 ± 5,55 ** | 3,99 ± 0,84 ** | 3,48 ± 0,49 ** | 0,00 ± 0,18 | |
| SGFP - SGFT | 0,38 ± 0,28 | 0,60 ± 0,35 | -0,47 ± 0,36 | -11,76 ± 6,29 | -1,95 ± 0,96 * | -3,59 ± 0,57 ** | -0,06 ± 0,22 | |
| SGFP - NSGP | 0,83 ± 0,24 ** | 0,83 ± 0,30 ** | 0,12 ± 0,31 | 35,67 ± 5,40 ** | 3,75 ± 0,82 ** | 0,45 ± 0,48 | -0,04 ± 0,19 | |
| SGFT - NSGP | 0,45 ± 0,25 | 0,23 ± 0,32 | 0,59 ± 0,32 | 47,43 ± 5,67 ** | 5,70 ± 0,86 ** | 4,04 ± 0,51 ** | 0,03 ± 0,20 | |

RG = rendimiento de grano (t · ha⁻¹); LONGMZ = longitud de mazorca (cm); NUMHIL = número de hileras de grano en la mazorca; P1000K = peso de mil granos (g); LLEGRA = días transcurrido desde la floración hasta la madurez fisiológica del grano; HUMG = humedad del grano en la cosecha (%); PROTG = contenido de proteína en el grano (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddf); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddf); NSGT = stay green no funcional (75 ddf); NSGP = stay green no funcional (60 ddf); SGC = stay green cosmético; *, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.9 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para tres caracteres relacionados con la biomasa, relación entre caracteres de grano y biomasa, evaluados en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

| Líneas | Caracteres agrónomicos (biomasa) | | | Relación entre grano y biomasa | | SEN |
|---------|----------------------------------|-----------------|-----------------|--------------------------------|----------------|------|
| | RBIO | HUMBIO | PROTBIO | PROTG/PROTBIO | RG/RBIO | |
| B79 | 3,10 ± 0,44 ** | 70,31 ± 3,32 ** | 8,30 ± 0,48 ** | 1,30 ± 0,09 ** | 1,05 ± 0,15 ** | SGFT |
| EZ18 | 3,71 ± 0,53 ** | 77,13 ± 4,13 ** | 8,50 ± 0,67 ** | 1,55 ± 0,11 ** | 0,82 ± 0,21 ** | SGFT |
| EZ52 | 2,64 ± 0,48 ** | 68,54 ± 3,75 ** | 8,14 ± 0,58 ** | 1,29 ± 0,10 ** | 1,27 ± 0,18 ** | SGFT |
| LH213 | 3,35 ± 0,44 ** | 71,75 ± 3,32 ** | 7,59 ± 0,48 ** | 1,19 ± 0,09 ** | 1,51 ± 0,15 ** | SGFT |
| LH51 | 1,80 ± 0,53 ** | 69,67 ± 4,13 ** | 6,55 ± 0,67 ** | 1,35 ± 0,11 ** | 1,39 ± 0,21 ** | SGFT |
| PA8637 | 2,64 ± 0,48 ** | 72,48 ± 3,75 ** | 9,86 ± 0,58 ** | 1,02 ± 0,10 ** | 1,38 ± 0,18 ** | SGFT |
| PA8640 | 1,62 ± 0,48 ** | 67,21 ± 3,75 ** | 8,81 ± 0,58 ** | 1,13 ± 0,10 ** | 1,16 ± 0,18 ** | SGFT |
| PHAW6 | 3,00 ± 0,48 ** | 65,21 ± 3,75 ** | 7,38 ± 0,58 ** | 1,33 ± 0,10 ** | 1,68 ± 0,18 ** | SGFT |
| PHHH9 | 2,07 ± 0,46 ** | 67,54 ± 3,49 ** | 7,48 ± 0,52 ** | 1,06 ± 0,10 ** | 1,55 ± 0,16 ** | SGFT |
| PHP38 | 3,42 ± 0,43 ** | 69,16 ± 3,23 ** | 8,88 ± 0,46 ** | 1,10 ± 0,08 ** | 1,29 ± 0,14 ** | SGFT |
| PHP85 | 4,05 ± 0,48 ** | 69,86 ± 3,75 ** | 7,60 ± 0,58 ** | 1,07 ± 0,10 ** | 1,31 ± 0,18 ** | SGFT |
| PHT60 | 4,02 ± 0,43 ** | 69,37 ± 3,23 ** | 7,73 ± 0,46 ** | 1,29 ± 0,08 ** | 0,96 ± 0,14 ** | SGFT |
| PHW52 | 2,47 ± 0,48 ** | 64,72 ± 3,75 ** | 7,52 ± 0,58 ** | 1,01 ± 0,10 ** | 1,95 ± 0,18 ** | SGFT |
| PHW79 | 4,30 ± 0,43 ** | 67,71 ± 3,23 ** | 6,19 ± 0,46 ** | 1,37 ± 0,08 ** | 1,09 ± 0,14 ** | SGFT |
| B37 | 3,33 ± 0,43 ** | 68,87 ± 3,23 ** | 6,53 ± 0,46 ** | 1,50 ± 0,08 ** | 1,14 ± 0,14 ** | SGFP |
| F64 | 2,41 ± 0,48 ** | 70,39 ± 3,75 ** | 8,62 ± 0,58 ** | 1,20 ± 0,10 ** | 1,31 ± 0,18 ** | SGFP |
| LH181 | 3,68 ± 0,48 ** | 64,03 ± 3,75 ** | 7,35 ± 0,58 ** | 1,31 ± 0,10 ** | 1,63 ± 0,18 ** | SGFP |
| LH200 | 3,41 ± 0,48 ** | 73,26 ± 3,75 ** | 7,63 ± 0,58 ** | 1,20 ± 0,10 ** | 1,51 ± 0,18 ** | SGFP |
| LH224 | 3,10 ± 0,53 ** | 58,05 ± 4,13 ** | 6,39 ± 0,67 ** | 1,53 ± 0,11 ** | 1,27 ± 0,21 ** | SGFP |
| LH65 | 3,06 ± 0,53 ** | 64,79 ± 4,13 ** | 6,48 ± 0,67 ** | 1,61 ± 0,11 ** | 0,83 ± 0,21 ** | SGFP |
| N209 | 2,30 ± 0,48 ** | 72,18 ± 3,75 ** | 6,80 ± 0,58 ** | 1,29 ± 0,10 ** | 2,12 ± 0,18 ** | SGFP |
| PA8634 | 1,99 ± 0,48 ** | 69,80 ± 3,75 ** | 8,71 ± 0,58 ** | 1,15 ± 0,10 ** | 1,46 ± 0,18 ** | SGFP |
| PHHB4 | 2,15 ± 0,46 ** | 69,62 ± 3,49 ** | 7,33 ± 0,52 ** | 1,24 ± 0,10 ** | 1,55 ± 0,16 ** | SGFP |
| PHJ70 | 3,01 ± 0,53 ** | 64,93 ± 4,13 ** | 6,38 ± 0,67 ** | 1,42 ± 0,11 ** | 1,78 ± 0,21 ** | SGFP |
| PHK35 | 2,39 ± 0,53 ** | 67,00 ± 4,13 ** | 6,46 ± 0,67 ** | 1,35 ± 0,11 ** | 1,64 ± 0,21 ** | SGFP |
| PHN73 | 2,18 ± 0,43 ** | 64,69 ± 3,23 ** | 7,30 ± 0,46 ** | 1,34 ± 0,08 ** | 1,56 ± 0,14 ** | SGFP |
| PHPR5 | 2,46 ± 0,48 ** | 64,26 ± 3,75 ** | 6,85 ± 0,58 ** | 1,54 ± 0,10 ** | 2,00 ± 0,18 ** | SGFP |
| PHR58 | 4,18 ± 0,48 ** | 61,08 ± 3,75 ** | 5,56 ± 0,58 ** | 1,67 ± 0,10 ** | 1,70 ± 0,18 ** | SGFP |
| PHT47 | 3,79 ± 0,48 ** | 65,35 ± 3,75 ** | 5,61 ± 0,58 ** | 1,62 ± 0,10 ** | 1,62 ± 0,18 ** | SGFP |
| PHV07 | 2,86 ± 0,48 ** | 68,87 ± 3,75 ** | 7,98 ± 0,58 ** | 1,02 ± 0,10 ** | 1,41 ± 0,18 ** | SGFP |
| PHW51 | 3,52 ± 0,48 ** | 63,17 ± 3,75 ** | 4,83 ± 0,58 ** | 1,83 ± 0,10 ** | 1,75 ± 0,18 ** | SGFP |
| PHW53 | 3,44 ± 0,53 ** | 65,20 ± 4,13 ** | 6,16 ± 0,67 ** | 1,48 ± 0,11 ** | 1,20 ± 0,21 ** | SGFP |
| SD45 | 3,06 ± 0,81 ** | 59,38 ± 6,40 ** | 6,13 ± 1,13 ** | 1,66 ± 0,19 ** | 0,89 ± 0,35 * | SGFP |
| WIL903 | 3,09 ± 0,48 ** | 72,03 ± 3,75 ** | 6,59 ± 0,58 ** | 1,42 ± 0,10 ** | 1,40 ± 0,18 ** | SGFP |
| B106 | 2,85 ± 0,68 ** | 58,54 ± 5,15 ** | 5,24 ± 0,87 ** | 1,85 ± 0,16 ** | 1,39 ± 0,28 ** | NSG |
| B109 | 2,86 ± 0,44 ** | 61,49 ± 3,32 ** | 7,00 ± 0,48 ** | 1,20 ± 0,09 ** | 1,30 ± 0,15 ** | NSG |
| B66 | 1,58 ± 0,48 ** | 59,18 ± 3,75 ** | 7,41 ± 0,58 ** | 1,66 ± 0,10 ** | 1,10 ± 0,18 ** | NSG |
| B73 | 2,54 ± 0,43 ** | 58,87 ± 3,23 ** | 6,32 ± 0,46 ** | 1,30 ± 0,08 ** | 1,49 ± 0,14 ** | NSG |
| B97 | 4,61 ± 0,48 ** | 64,17 ± 3,75 ** | 6,81 ± 0,58 ** | 1,41 ± 0,10 ** | 1,10 ± 0,18 ** | NSG |
| EZ13 | 2,51 ± 0,48 ** | 63,86 ± 3,75 ** | 5,88 ± 0,58 ** | 1,65 ± 0,10 ** | 1,39 ± 0,18 ** | NSG |
| F04703 | 1,99 ± 0,48 ** | 54,54 ± 3,75 ** | 7,07 ± 0,58 ** | 1,37 ± 0,10 ** | 1,62 ± 0,18 ** | NSG |
| I205 | 0,94 ± 0,53 ** | 65,73 ± 4,13 ** | 10,15 ± 0,67 ** | 1,25 ± 0,14 ** | 0,79 ± 0,21 ** | NSG |
| LH128 | 2,04 ± 0,43 ** | 65,04 ± 3,23 ** | 7,18 ± 0,46 ** | 1,09 ± 0,08 ** | 1,56 ± 0,14 ** | NSG |
| LH190 | 3,69 ± 0,43 ** | 58,97 ± 3,23 ** | 6,80 ± 0,46 ** | 1,20 ± 0,08 ** | 1,64 ± 0,14 ** | NSG |
| LH192 | 3,26 ± 0,48 ** | 68,66 ± 3,75 ** | 8,44 ± 0,58 ** | 1,13 ± 0,10 ** | 1,19 ± 0,18 ** | NSG |
| LH206 | 1,88 ± 0,43 ** | 61,24 ± 3,23 ** | 6,69 ± 0,46 ** | 1,53 ± 0,08 ** | 1,85 ± 0,15 ** | NSG |
| LH208 | 1,78 ± 0,48 ** | 54,97 ± 3,75 ** | 10,44 ± 0,58 ** | 1,09 ± 0,10 ** | 0,98 ± 0,18 ** | NSG |
| LH210 | 5,01 ± 0,48 ** | 65,37 ± 3,75 ** | 6,83 ± 0,58 ** | 1,42 ± 0,10 ** | 0,71 ± 0,18 ** | NSG |
| LH216 | 1,77 ± 0,48 ** | 68,88 ± 3,75 ** | 6,89 ± 0,58 ** | 1,25 ± 0,10 ** | 1,81 ± 0,18 ** | NSG |
| LH82 | 1,98 ± 0,48 ** | 58,48 ± 3,75 ** | 7,52 ± 0,58 ** | 1,36 ± 0,10 ** | 1,82 ± 0,18 ** | NSG |
| Lo904 | 3,55 ± 0,48 ** | 59,46 ± 3,75 ** | 6,78 ± 0,58 ** | 1,15 ± 0,10 ** | 1,86 ± 0,18 ** | NSG |
| Mo17 | 2,44 ± 0,43 ** | 61,81 ± 3,23 ** | 6,66 ± 0,46 ** | 1,41 ± 0,08 ** | 1,88 ± 0,14 ** | NSG |
| Mo20W | 1,65 ± 0,53 ** | 60,32 ± 4,13 ** | 6,41 ± 0,67 ** | 1,71 ± 0,14 ** | 1,10 ± 0,21 ** | NSG |
| NC292 | 0,65 ± 0,53 ** | 62,18 ± 4,13 ** | 9,16 ± 0,67 ** | 1,27 ± 0,14 ** | 1,07 ± 0,21 ** | NSG |
| Oh3167b | 1,89 ± 0,43 ** | 73,14 ± 3,23 ** | 9,80 ± 0,46 ** | 1,13 ± 0,10 ** | 0,83 ± 0,14 ** | NSG |

Tabla 4.9 (Continuación) Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para tres caracteres relacionados con la biomasa, relación entre caracteres de grano y biomasa, evaluados en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

| Líneas | RBIO | HUMBIO | PROTBIO | frac_prot | rend_gra_bio | SEN |
|-------------|----------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|-----|
| PA8638 | 1,96 ± 0,48 ** | 67,58 ± 3,75 ** | 8,34 ± 0,58 ** | 1,26 ± 0,10 ** | 1,30 ± 0,18 ** | NSG |
| PHBB3 | 1,59 ± 0,53 ** | 47,33 ± 4,13 ** | 8,54 ± 0,67 ** | 0,98 ± 0,11 ** | 1,44 ± 0,21 ** | NSG |
| PHK29 | 2,11 ± 0,53 ** | 61,23 ± 4,13 ** | 8,16 ± 0,67 ** | 1,04 ± 0,11 ** | 1,30 ± 0,21 ** | NSG |
| PHM10 | 2,82 ± 0,53 ** | 45,58 ± 4,13 ** | 6,11 ± 0,67 ** | 1,64 ± 0,11 ** | 1,68 ± 0,21 ** | NSG |
| PHR61 | 3,55 ± 0,53 ** | 61,52 ± 4,13 ** | 7,02 ± 0,67 ** | 1,27 ± 0,11 ** | 1,39 ± 0,21 ** | NSG |
| PHT10 | 2,48 ± 0,48 ** | 59,57 ± 3,75 ** | 8,29 ± 0,58 ** | 1,28 ± 0,10 ** | 0,99 ± 0,18 ** | NSG |
| PHT11 | 3,39 ± 0,48 ** | 64,61 ± 3,75 ** | 8,51 ± 0,58 ** | 1,07 ± 0,10 ** | 1,35 ± 0,18 ** | NSG |
| PHV78 | 2,70 ± 0,48 ** | 55,86 ± 3,75 ** | 5,57 ± 0,58 ** | 1,44 ± 0,10 ** | 1,73 ± 0,18 ** | NSG |
| SD40 | 2,22 ± 0,53 ** | 62,37 ± 4,13 ** | 6,77 ± 0,67 ** | 1,41 ± 0,11 ** | 1,29 ± 0,21 ** | NSG |
| SD41 | 1,89 ± 0,48 ** | 64,69 ± 3,75 ** | 8,34 ± 0,58 ** | 1,29 ± 0,10 ** | 1,78 ± 0,18 ** | NSG |
| Va35 | 3,34 ± 0,48 ** | 70,84 ± 3,75 ** | 6,89 ± 0,58 ** | 1,47 ± 0,10 ** | 1,41 ± 0,18 ** | NSG |
| B104 | 2,20 ± 0,53 ** | 72,29 ± 4,13 ** | 6,15 ± 0,67 ** | 1,31 ± 0,11 ** | 1,50 ± 0,21 ** | SGC |
| B14a | 3,63 ± 0,43 ** | 66,81 ± 3,23 ** | 9,76 ± 0,46 ** | 1,30 ± 0,08 ** | 0,49 ± 0,14 ** | SGC |
| B94 | 2,52 ± 0,81 ** | 69,15 ± 6,40 ** | 7,31 ± 1,13 ** | 1,30 ± 0,19 ** | 0,99 ± 0,35 ** | SGC |
| LH195 | 3,96 ± 0,48 ** | 75,39 ± 3,75 ** | 7,66 ± 0,58 ** | 1,13 ± 0,10 ** | 1,61 ± 0,18 ** | SGC |
| N551 | 3,51 ± 0,81 ** | 75,02 ± 6,40 ** | 8,98 ± 1,13 ** | 1,11 ± 0,19 ** | 1,27 ± 0,35 ** | SGC |
| PHHB9 | 2,92 ± 0,43 ** | 68,22 ± 3,23 ** | 7,12 ± 0,46 ** | 1,18 ± 0,08 ** | 1,99 ± 0,14 ** | SGC |
| PHN82 | 2,50 ± 0,48 ** | 66,73 ± 3,75 ** | 6,67 ± 0,58 ** | 1,40 ± 0,10 ** | 1,69 ± 0,18 ** | SGC |
| SGFT - NSGT | 0,44 ± 0,14 ** | 5,15 ± 0,99 ** | 0,58 ± 0,20 ** | -0,12 ± 0,03 ** | -0,13 ± 0,06 * | |
| SGFP - SGFT | -0,22 ± 0,17 | -2,59 ± 1,13 * | -1,00 ± 0,24 ** | 0,19 ± 0,04 ** | 0,21 ± 0,08 ** | |
| SGFP - NSGP | 0,42 ± 0,14 ** | 4,94 ± 0,96 ** | -0,55 ± 0,21 ** | 0,09 ± 0,03 ** | 0,10 ± 0,07 | |
| SGFT - NSGP | 0,65 ± 0,15 ** | 7,53 ± 1,01 ** | 0,45 ± 0,22 * | -0,09 ± 0,04 ** | -0,10 ± 0,07 | |

RBIO = rendimiento de biomasa ($t \cdot ha^{-1}$); HUMBIO = humedad de biomasa (%); PROTBIO = contenido de proteína en la biomasa (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddff); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddff); NSGT = stay green no funcional (75 ddff); NSGP = stay green no funcional (60 ddff); SGC = stay green cosmético; **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

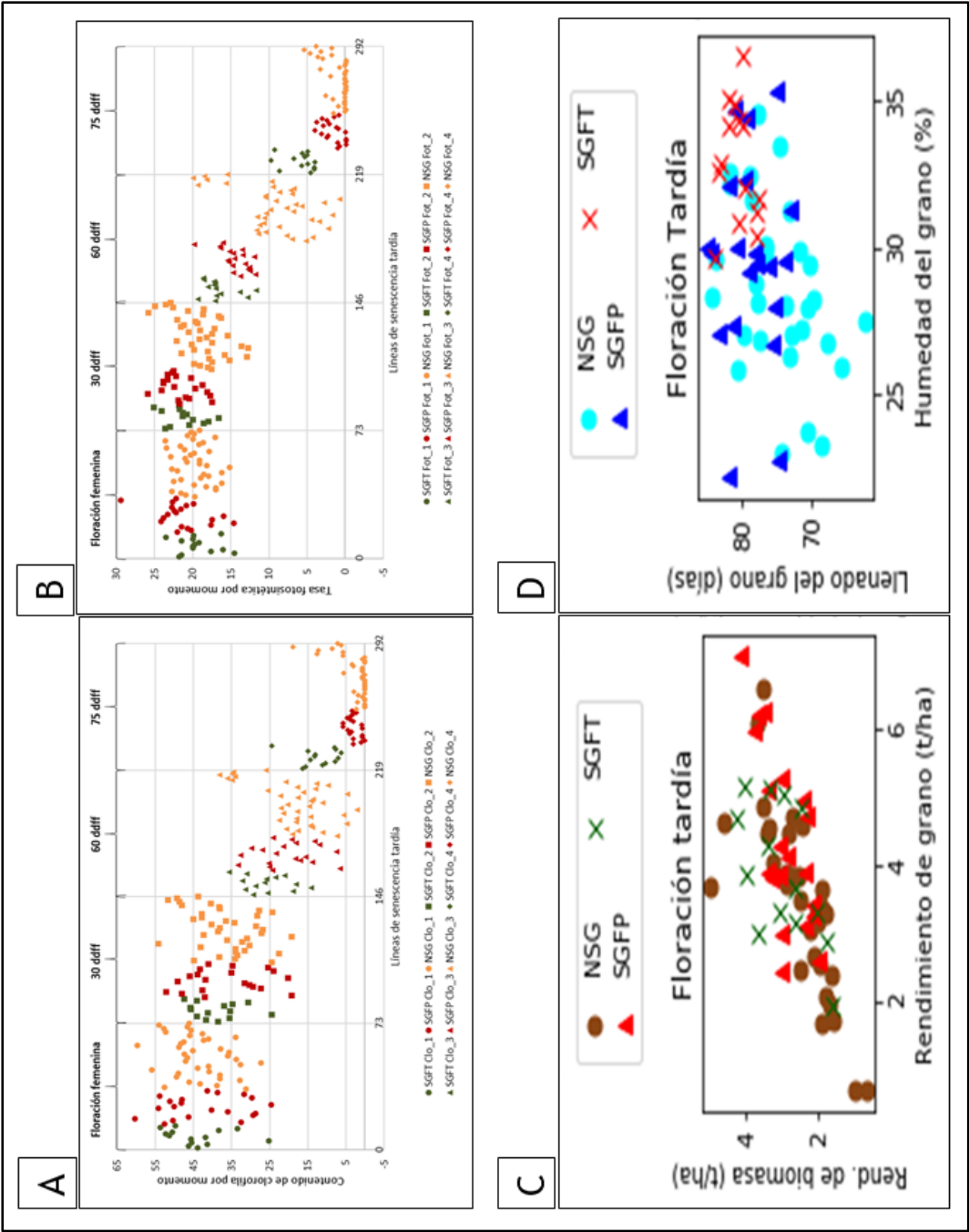


Gráfico 4.3 Disminución progresiva por momento de evaluación y por tipo de Stay Green (SGFT, SGFP y NSG) del índice de clorofila (A) y tasa fotosintética (B); comparación entre rendimiento de grano y rendimiento de biomasa (C); comparación entre llenado de grano y humedad del grano (D), evaluados en 73 líneas puras de maíz de senescencia tardía.

4.1.4 Análisis estadístico de datos fenotípicos e identificación de líneas con SG funcional (tardío y precoz) dentro del grupo de líneas de senescencia muy tardía.

Para este grupo de líneas, los resultados del análisis de varianza combinado mostraron diferencias estadísticas significativas entre líneas para todos los caracteres evaluados (Tablas 4.10, 4.11 y 4.12). De las 26 líneas evaluadas, el 50% (13 líneas) presentaron SG funcional; de las cuales 10 fueron identificadas como líneas con SGFT (valores de fotosíntesis a los 75 ddff significativos) y tres como líneas con SGFP (valores altos de fotosíntesis a los 60 ddff). Las 13 líneas restantes no presentaron el carácter (NSG) y, de estas, tres líneas presentaron SGC (Tabla 4.10).

Al realizar la comparación de medias entre líneas con SG funcional y no funcional, se determinaron diferencias significativas ($P \leq 0,01$ y $P \leq 0,05$) en 15 de los 20 caracteres estudiados. No se encontraron diferencias significativas para índice de clorofila 30 ddff, tasa fotosintética en floración, rendimiento de grano, longitud de mazorca y rendimiento de biomasa (Tablas 4.10, 4.11 y 4.12).

El rango de producción de las líneas con SG funcional osciló entre $0,41$ y $4,64 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$. El rendimiento promedio de estas líneas fue de $2,99 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$; mientras que en las NSG fue de $2,47 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$. La línea SGFT T8 presentó el valor más alto de rendimiento con $4,64 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$, seguido por la línea PHP60 con un rendimiento promedio de $4,49 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$; mientras que la línea EZ14 (SGFP) fue la que presentó el rendimiento más bajo ($0,41 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$). El rango de producción de las líneas NSG osciló entre $0,35$ y $5,59 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (Tabla 4.11).

Las líneas con SGFT presentaron humedad del grano en un rango de 31,5 hasta 38,3%; mientras que el 100% de líneas con SGFP presentaron humedad del grano alrededor de 41%. Las líneas más productivas T8 (SGFT) y PHP60 (SGFP), mostraron humedad del grano de 34,1 y 41%; mientras que la línea menos productiva EZ14 presentó un valor de humedad de 40,3 (Tabla 4.11).

En cuanto al rendimiento de biomasa, las líneas con SG funcional T8, NC258 y LH123HT mostraron los rendimientos más altos, con promedios de $4,39$, $3,90$ y $3,60 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$, respectivamente. Estas líneas también presentaron humedad de biomasa en un rango de 70,2 a 75,7% (Tabla 4.12).

El porcentaje de proteína en el grano fue superior al de la biomasa y osciló entre 7,18 y 13,36%; mientras que en la biomasa fue desde 5,59 a 9,68% (Tablas 4.11 y 4.12).

Los promedios del índice de clorofila y tasa fotosintética de las líneas con SG funcional en su mayoría fueron superiores a los promedios de las líneas NSG, siendo más evidente dicho efecto a partir de los 30 ddff; sin embargo, dentro de las líneas NSG se observaron líneas que destacan sobre el resto, debido a que presentan SG cosmético. El patrón de disminución del contenido de clorofila y tasa fotosintética durante la senescencia fue similar al observado en los tres grupos de líneas analizados anteriormente (Gráfico 4.4 A, B).

Al comparar el rendimiento de grano con el rendimiento de biomasa, se observó que la mayoría de líneas con SG funcional presentaron valores más altos que las líneas NSG (Gráfico 4.4 C). Además, al comparar el llenado del grano con la humedad del mismo se encontró una relación directamente proporcional entre los dos caracteres para las líneas con SG funcional, es decir que las líneas que sobrepasaron los 70 días para el llenado del grano, muestran casi en su totalidad mayor humedad del grano, observándose un rango de entre 29 y 44% de humedad (Gráfico 4.4 D).

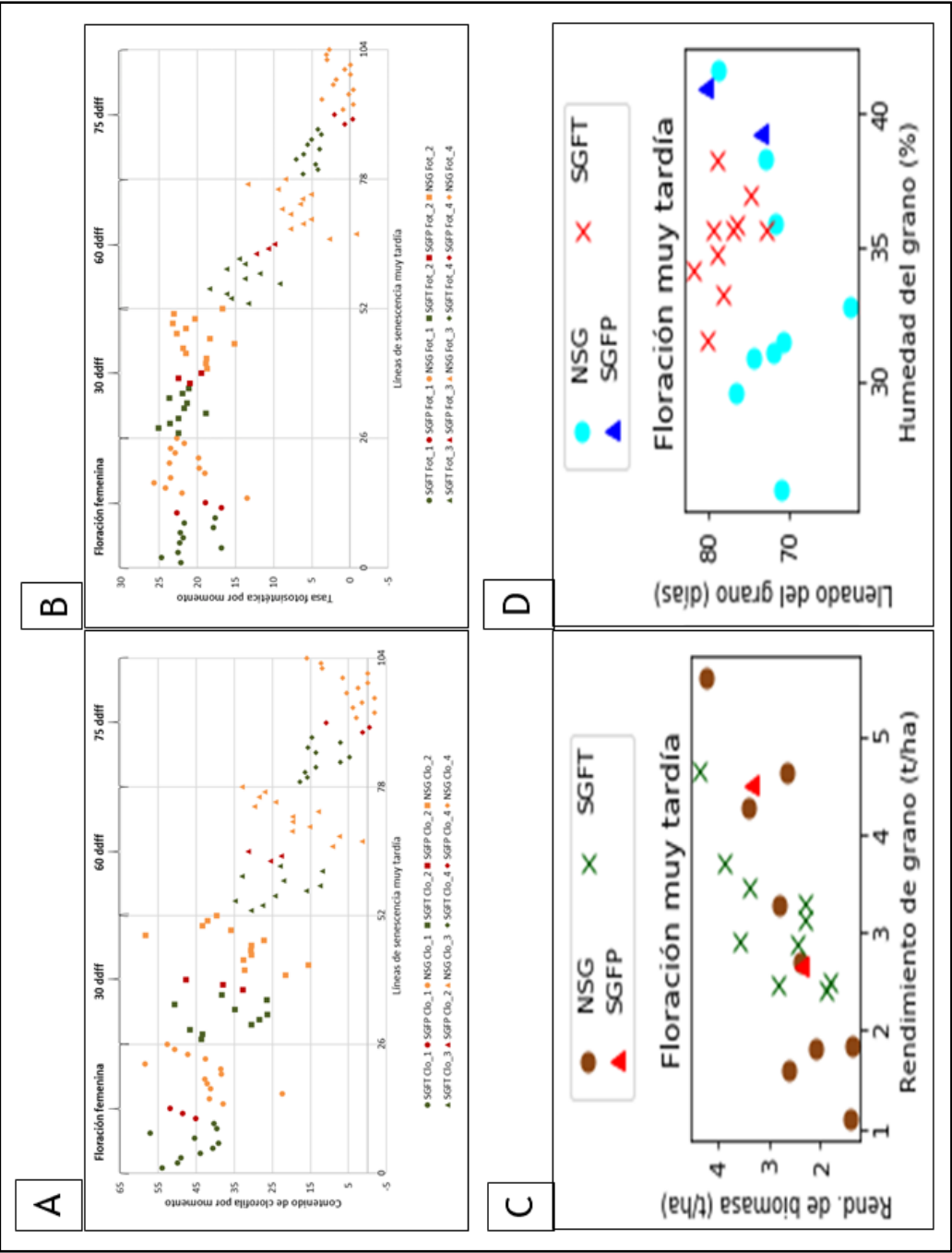


Gráfico 4.4 Disminución progresiva por momento de evaluación y por tipo de Stay Green (SGFT, SGFP y NSG) del índice de clorofila (A) y tasa fotosintética (B); comparación entre rendimiento de grano y rendimiento de biomasa (C); comparación entre llenado de grano y humedad del grano (D), evaluados en 26 líneas puras de maíz de senescencia muy tardía.

Tabla 4.10 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para dos caracteres fisiológicos, evaluados desde la floración hasta la senescencia en 26 líneas puras de maíz de senescencia muy tardía.

| Líneas | Caracteres fisiológicos | | | | | | | | SEN |
|-----------|-------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|------|
| | CLO_1 | CLO_2 | CLO_3 | CLO_4 | FOT_1 | FOT_2 | FOT_3 | FOT_4 | |
| LH1 | 54,00 ± 6,12 ** | 43,72 ± 5,16 ** | 30,68 ± 4,06 ** | 17,70 ± 3,69 ** | 22,19 ± 1,91 ** | 22,51 ± 2,17 ** | 13,34 ± 2,54 ** | 6,15 ± 1,95 ** | SGFT |
| LH123HT | 50,00 ± 5,93 ** | 43,32 ± 5,12 ** | 27,60 ± 3,82 ** | 15,76 ± 4,09 ** | 24,72 ± 1,96 ** | 25,11 ± 2,16 ** | 15,62 ± 2,44 ** | 4,21 ± 1,84 * | SGFT |
| LH194 | 49,09 ± 6,12 ** | 46,62 ± 5,16 ** | 34,91 ± 4,06 ** | 16,38 ± 3,69 ** | 22,52 ± 1,91 ** | 23,60 ± 2,17 ** | 16,18 ± 2,54 ** | 4,50 ± 1,95 * | SGFT |
| NC258 | 44,01 ± 6,36 ** | 30,46 ± 5,57 ** | 24,36 ± 4,34 ** | 13,54 ± 4,68 ** | 16,88 ± 2,15 ** | 22,46 ± 2,38 ** | 18,44 ± 2,79 ** | 7,05 ± 2,09 ** | SGFT |
| PA8630 | 40,63 ± 6,36 ** | 28,46 ± 5,57 ** | 16,15 ± 4,34 ** | 7,17 ± 4,68 ** | 22,31 ± 2,15 ** | 18,87 ± 2,38 ** | 9,20 ± 2,79 ** | 6,08 ± 2,09 ** | SGFT |
| PHG39 | 39,23 ± 5,72 ** | 26,31 ± 4,76 ** | 12,52 ± 3,55 ** | 4,75 ± 3,16 ** | 21,86 ± 1,74 ** | 21,73 ± 1,96 ** | 13,80 ± 2,20 ** | 4,01 ± 1,71 * | SGFT |
| PHK93 | 45,43 ± 6,12 ** | 34,79 ± 5,16 ** | 22,06 ± 4,06 ** | 13,61 ± 3,69 ** | 22,24 ± 1,91 ** | 21,37 ± 2,17 ** | 11,83 ± 2,54 ** | 5,53 ± 1,95 ** | SGFT |
| PHM49 | 57,15 ± 5,79 ** | 50,68 ± 4,86 ** | 33,01 ± 3,64 ** | 15,68 ± 3,39 ** | 17,91 ± 1,80 ** | 23,64 ± 2,02 ** | 16,21 ± 2,27 ** | 5,01 ± 1,75 ** | SGFT |
| PHT55 | 39,60 ± 5,79 ** | 26,42 ± 4,86 ** | 11,97 ± 3,64 ** | 7,20 ± 3,39 * | 21,74 ± 1,80 ** | 21,92 ± 2,02 ** | 13,76 ± 2,27 ** | 3,75 ± 1,75 * | SGFT |
| T8 | 40,38 ± 5,93 ** | 38,37 ± 5,12 ** | 22,99 ± 3,82 ** | 14,66 ± 4,09 ** | 17,66 ± 1,96 ** | 21,14 ± 2,16 ** | 14,51 ± 2,44 ** | 4,21 ± 1,84 * | SGFT |
| EZ14 | 45,21 ± 6,12 ** | 32,77 ± 5,16 ** | 25,55 ± 4,06 ** | 1,34 ± 3,69 ** | 22,70 ± 1,91 ** | 21,01 ± 2,17 ** | 12,26 ± 2,54 ** | 0,67 ± 1,95 | SGFP |
| G | 48,63 ± 6,36 ** | 37,97 ± 5,56 ** | 22,69 ± 4,34 ** | -0,48 ± 4,68 ** | 16,87 ± 2,15 ** | 22,48 ± 2,38 ** | 10,74 ± 2,79 ** | -0,32 ± 2,09 | SGFP |
| PHP60 | 51,90 ± 7,12 ** | 47,76 ± 6,36 ** | 31,42 ± 5,22 ** | 10,84 ± 5,68 ** | 18,94 ± 2,48 ** | 19,45 ± 2,77 ** | 9,91 ± 3,38 ** | 2,04 ± 2,51 | SGFP |
| B54 | 38,07 ± 9,06 ** | 21,54 ± 8,26 * | 9,19 ± 7,26 * | 2,91 ± 7,94 | 13,48 ± 3,27 ** | 18,76 ± 3,69 ** | 2,69 ± 4,73 | 0,96 ± 3,47 | NSG |
| B95 | 41,56 ± 6,36 ** | 32,24 ± 5,57 ** | 1,51 ± 4,34 | -1,91 ± 4,68 | 22,02 ± 2,15 ** | 18,88 ± 2,38 ** | -0,81 ± 2,79 | -0,44 ± 2,09 | NSG |
| B96 | 22,46 ± 7,12 ** | 15,50 ± 6,36 * | 7,38 ± 5,22 | 3,90 ± 5,68 | 24,23 ± 2,48 ** | 18,81 ± 2,77 ** | 7,83 ± 3,38 * | 3,66 ± 2,51 | NSG |
| DE1 | 41,24 ± 5,93 ** | 32,61 ± 5,12 ** | 19,94 ± 3,82 ** | 1,44 ± 4,09 | 25,70 ± 1,96 ** | 21,47 ± 2,16 ** | 6,17 ± 2,44 * | 0,15 ± 1,84 | NSG |
| DE2 | 42,24 ± 6,36 ** | 30,54 ± 5,57 ** | 15,29 ± 4,34 ** | -1,91 ± 4,68 | 23,52 ± 2,15 ** | 21,87 ± 2,38 ** | 5,11 ± 3,38 | -0,44 ± 2,09 | NSG |
| LH159 | 42,85 ± 6,12 ** | 30,59 ± 5,16 ** | 19,65 ± 4,06 ** | 5,51 ± 3,69 | 19,02 ± 1,91 ** | 15,14 ± 2,17 ** | 7,79 ± 2,54 ** | 2,20 ± 1,95 | NSG |
| Mo12 | 38,37 ± 5,79 ** | 30,52 ± 4,86 ** | 19,77 ± 3,64 ** | 2,56 ± 3,39 | 19,76 ± 1,80 ** | 18,39 ± 2,02 ** | 8,95 ± 2,27 ** | 1,84 ± 1,75 | NSG |
| PHG84 | 38,64 ± 5,72 ** | 27,19 ± 4,76 ** | 13,03 ± 3,55 ** | 0,00 ± 3,16 | 23,65 ± 1,74 ** | 22,67 ± 1,96 ** | 6,51 ± 2,20 ** | -0,02 ± 1,71 | NSG |
| PHM57 | 58,56 ± 6,36 ** | 58,31 ± 5,57 ** | 29,71 ± 4,34 ** | 6,47 ± 4,68 | 19,89 ± 2,15 ** | 21,47 ± 2,38 ** | 6,24 ± 2,79 * | 0,73 ± 2,09 | NSG |
| PHV53 | 42,67 ± 5,72 ** | 35,84 ± 4,76 ** | 24,21 ± 3,55 ** | 0,00 ± 3,16 | 22,90 ± 1,74 ** | 23,24 ± 1,96 ** | 5,14 ± 2,20 * | -0,02 ± 1,71 | NSG |
| NC300 | 47,34 ± 6,12 ** | 43,41 ± 5,16 ** | 28,56 ± 4,06 ** | 11,94 ± 3,69 ** | 23,52 ± 1,91 ** | 20,29 ± 2,17 ** | 9,44 ± 2,54 ** | 3,01 ± 1,95 | SGC |
| PHGV6 | 50,69 ± 5,93 ** | 42,11 ± 5,12 ** | 27,14 ± 3,82 ** | 12,23 ± 4,08 ** | 21,71 ± 1,96 ** | 23,06 ± 2,16 ** | 13,44 ± 2,44 ** | 3,07 ± 1,84 | SGC |
| PHJ31 | 52,65 ± 6,36 ** | 39,61 ± 5,56 ** | 33,11 ± 4,34 ** | 15,95 ± 4,68 ** | 22,69 ± 2,15 ** | 16,68 ± 2,38 ** | 8,51 ± 2,79 ** | 2,69 ± 2,09 | SGC |
| SGFT-NSGT | 2,82 ± 1,94 | 2,19 ± 2,27 | 2,42 ± 2,13 | 7,19 ± 1,68 ** | -0,82 ± 0,73 | 1,64 ± 0,72 * | 6,09 ± 0,97 ** | 3,29 ± 0,54 ** | |
| SGFP-SGFT | 0,68 ± 3,23 | 0,66 ± 3,76 | 2,24 ± 3,42 | -9,05 ± 3,18 * | -0,93 ± 1,25 | -0,78 ± 1,57 | -2,72 ± 2,24 | -3,67 ± 1,86 | |
| SGFP-NSGP | 6,33 ± 3,29 | 5,73 ± 3,83 | 8,48 ± 3,48 * | 0,99 ± 3,22 | -1,75 ± 1,27 | 1,11 ± 1,59 | 5,33 ± 2,26 * | 0,14 ± 1,87 | |
| SGFT-NSGP | 4,90 ± 2,13 * | 4,52 ± 2,46 | 5,53 ± 2,22 * | 9,33 ± 1,75 ** | -1,01 ± 0,79 | 1,78 ± 0,79 * | 7,92 ± 0,98 ** | 3,81 ± 1,59 * | |

CLO_1, CLO_2, CLO_3, CLO_4 = índice de clorofila evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; FOT_1, FOT_2, FOT_3, FOT_4 = tasa fotosintética ($\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) evaluado en floración femenina, 30, 60 y 75 ddf, respectivamente; SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddf); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddf); NSGT = stay green no funcional (75 ddf); NSGP = stay green no funcional (60 ddf); SGC = stay green cosmético; **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.11 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para siete caracteres agronómicos, evaluados en 26 líneas puras de maíz de senescencia muy tardía.

| Líneas | Caracteres agronómicos (rendimiento, sus componentes y relacionados con el grano) | | | | | | | SEN |
|-----------|---|-----------------|-----------------|-------------------|-----------------|-----------------|-----------------|------|
| | RG | LONGMZ | NUMHIL | P1000K | LLEGRA | HUMG | PROTG | |
| LH1 | 2,44 ± 0,89 ** | 13,04 ± 1,30 ** | 15,69 ± 0,67 ** | 222,28 ± 25,10 ** | 72,81 ± 2,23 ** | 35,57 ± 2,09 ** | 9,89 ± 0,37 ** | SGFT |
| LH123HT | 2,90 ± 0,91 ** | 13,45 ± 1,23 ** | 12,38 ± 0,62 ** | 260,14 ± 23,84 ** | 79,09 ± 2,61 ** | 38,25 ± 2,09 ** | 10,74 ± 0,34 ** | SGFT |
| LH194 | 3,12 ± 0,89 ** | 14,30 ± 1,23 ** | 15,72 ± 0,62 ** | 232,66 ± 23,89 ** | 79,46 ± 2,23 ** | 35,60 ± 2,09 ** | 7,94 ± 0,33 ** | SGFT |
| NC258 | 3,70 ± 0,99 ** | 13,82 ± 1,30 ** | 15,17 ± 0,67 ** | 220,20 ± 25,04 ** | 77,05 ± 2,61 ** | 35,60 ± 2,21 ** | 9,36 ± 0,39 ** | SGFT |
| PA8630 | 2,41 ± 0,99 * | 9,81 ± 1,31 ** | 14,59 ± 0,68 ** | 270,44 ± 25,04 ** | 76,67 ± 2,61 ** | 35,84 ± 2,21 ** | 9,55 ± 0,39 ** | SGFT |
| PHG39 | 2,88 ± 0,82 ** | 15,08 ± 1,17 ** | 12,63 ± 0,57 ** | 272,40 ± 22,87 ** | 80,24 ± 1,96 ** | 31,51 ± 1,99 ** | 9,60 ± 0,28 ** | SGFT |
| PHK93 | 3,46 ± 0,89 ** | 15,46 ± 1,23 ** | 13,52 ± 0,62 ** | 267,22 ± 23,89 ** | 74,78 ± 2,23 ** | 36,85 ± 2,09 ** | 9,00 ± 0,33 ** | SGFT |
| PHM49 | 3,29 ± 0,84 ** | 14,96 ± 1,18 ** | 13,70 ± 0,59 ** | 246,31 ± 23,14 ** | 78,33 ± 2,05 ** | 33,23 ± 2,02 ** | 8,83 ± 0,30 ** | SGFT |
| PHT55 | 2,47 ± 0,84 ** | 13,99 ± 1,18 ** | 15,10 ± 0,59 ** | 213,92 ± 23,45 ** | 79,10 ± 2,05 ** | 34,73 ± 2,02 ** | 9,15 ± 0,30 ** | SGFT |
| T8 | 4,64 ± 0,91 ** | 15,53 ± 1,23 ** | 11,14 ± 0,62 ** | 241,14 ± 23,84 ** | 82,02 ± 2,31 ** | 34,08 ± 2,09 ** | 9,81 ± 0,34 ** | SGFT |
| EZ14 | 0,41 ± 0,89 | 12,71 ± 1,23 ** | 13,03 ± 0,62 ** | 164,46 ± 23,89 ** | 74,52 ± 2,23 ** | 40,26 ± 2,09 ** | 13,36 ± 0,33 ** | SGFP |
| G | 2,64 ± 0,99 * | 14,48 ± 1,30 ** | 15,63 ± 0,67 ** | 234,52 ± 25,03 ** | 73,67 ± 2,60 ** | 39,23 ± 2,21 ** | 11,10 ± 0,39 ** | SGFP |
| PHP60 | 4,49 ± 1,13 ** | 14,81 ± 1,43 ** | 13,45 ± 0,77 ** | 212,71 ± 27,24 ** | 80,61 ± 3,11 ** | 40,95 ± 2,42 ** | 9,07 ± 0,48 ** | SGFP |
| B54 | 1,10 ± 1,48 | 9,78 ± 1,77 ** | 14,29 ± 1,00 ** | 170,66 ± 32,97 ** | 70,79 ± 4,28 ** | 25,91 ± 2,98 ** | 9,17 ± 0,68 ** | NSG |
| B95 | 3,27 ± 0,99 ** | 13,63 ± 1,31 ** | 11,66 ± 0,68 ** | 226,27 ± 25,04 ** | 62,33 ± 2,61 ** | 32,80 ± 2,21 ** | 11,67 ± 0,39 ** | NSG |
| B96 | 0,35 ± 1,13 | 9,88 ± 1,43 ** | 12,72 ± 0,77 ** | 140,85 ± 27,24 ** | 72,19 ± 3,11 ** | 32,89 ± 2,42 ** | 10,46 ± 0,48 ** | NSG |
| DE1 | 1,83 ± 0,91 * | 14,29 ± 1,23 ** | 15,48 ± 0,62 ** | 247,51 ± 23,84 ** | 74,27 ± 2,31 ** | 30,87 ± 2,09 ** | 8,67 ± 0,34 ** | NSG |
| DE2 | 4,64 ± 0,99 ** | 12,90 ± 1,31 ** | 15,39 ± 0,68 ** | 245,44 ± 25,04 ** | 76,67 ± 2,61 ** | 29,58 ± 2,21 ** | 7,18 ± 0,39 ** | NSG |
| LH159 | 1,59 ± 0,89 | 9,62 ± 1,23 ** | 18,10 ± 0,62 ** | 263,10 ± 23,89 ** | 78,75 ± 2,23 ** | 41,62 ± 2,09 ** | 9,05 ± 0,33 ** | NSG |
| Mo12 | 1,81 ± 0,84 * | 10,48 ± 1,18 ** | 16,17 ± 0,59 ** | 194,37 ± 23,14 ** | 72,96 ± 2,05 ** | 38,29 ± 2,02 ** | 9,05 ± 0,30 ** | NSG |
| PHG84 | 2,70 ± 0,82 ** | 14,86 ± 1,17 ** | 13,83 ± 0,57 ** | 207,78 ± 22,87 ** | 71,82 ± 1,96 ** | 31,04 ± 1,99 ** | 10,26 ± 0,28 ** | NSG |
| PHM57 | 4,27 ± 0,99 ** | 16,36 ± 1,30 ** | 14,63 ± 0,67 ** | 232,37 ± 25,04 ** | 71,71 ± 2,61 ** | 35,93 ± 2,21 ** | 10,19 ± 0,39 ** | NSG |
| PHV53 | 5,59 ± 0,82 ** | 16,30 ± 1,17 ** | 12,85 ± 0,57 ** | 255,70 ± 22,87 ** | 70,63 ± 1,96 ** | 31,46 ± 1,99 ** | 9,50 ± 0,28 ** | NSG |
| NC300 | 1,37 ± 0,93 | 11,64 ± 1,26 ** | 12,43 ± 0,64 ** | 321,74 ± 24,39 ** | 69,75 ± 2,23 ** | 43,04 ± 2,14 ** | 11,63 ± 0,36 ** | SGC |
| PHGV6 | 2,58 ± 0,91 ** | 13,78 ± 1,23 ** | 12,35 ± 0,62 ** | 237,31 ± 23,84 ** | 79,48 ± 2,31 ** | 39,04 ± 2,09 ** | 9,39 ± 0,34 ** | SGC |
| PHJ31 | 0,97 ± 0,99 | 13,78 ± 1,30 ** | 12,30 ± 0,67 ** | 280,02 ± 25,03 ** | 75,61 ± 3,11 ** | 43,72 ± 2,21 ** | 11,78 ± 0,39 ** | SGC |
| SGFT-NSGT | 0,41 ± 0,35 | 0,78 ± 0,48 | -0,29 ± 0,38 | 14,18 ± 8,74 | 4,37 ± 1,03 ** | -0,99 ± 0,91 | -0,72 ± 0,29 * | * |
| SGFP-SGFT | -1,16 ± 0,59 | -0,46 ± 0,81 | -0,09 ± 0,61 | -52,49 ± 13,06 | -1,88 ± 2,27 | 5,07 ± 1,27 ** | 2,56 ± 0,41 | ** |
| SGFP-NSGP | -1,03 ± 0,60 | 0,50 ± 0,83 | -0,87 ± 0,62 | -31,75 ± 13,26 | ** | 3,47 ± 2,28 | 6,03 ± 1,29 | ** |
| SGFT-NSGP | 0,11 ± 0,38 | 0,89 ± 0,54 | -0,84 ± 0,39 * | 18,41 ± 8,51 * | * | 5,02 ± 1,11 | 1,30 ± 0,83 | ** |

RG = rendimiento de grano ($t \cdot ha^{-1}$); LONGMZ = longitud de mazorca (cm); NUMHIL = número de hileras de grano en la mazorca; P1000K = peso de mil granos (g); LLEGRA = días transcurrido desde la floración hasta la madurez fisiológica del grano; HUMG = humedad del grano en la cosecha (%); PROTG = contenido de proteína en el grano (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddff); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddff); NSGT = stay green no funcional (75 ddff); NSGP = stay green no funcional (60 ddff); SGC = stay green cosmético; **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

Tabla 4.12 Medias, errores estándar y comparación de tipos de Stay Green para tres caracteres relacionados con la biomasa, relación entre caracteres de grano y biomasa, evaluados en 26 líneas puras de maíz de senescencia muy tardía.

| Líneas | Caracteres agronómicos (biomasa) | | | Relación entre grano y biomasa | | SEN |
|-----------|----------------------------------|-----------------|----------------|--------------------------------|----------------|------|
| | RBIO | HUMBIO | PROTBIO | PROTG/PROTBIO | RG/RBIO | |
| LH1 | 2,83 ± 0,66 ** | 71,49 ± 3,07 ** | 7,38 ± 0,55 ** | 1,39 ± 0,10 ** | 0,79 ± 0,20 ** | SGFT |
| LH123HT | 3,60 ± 0,68 ** | 70,22 ± 3,07 ** | 8,32 ± 0,57 ** | 1,31 ± 0,10 ** | 0,74 ± 0,19 ** | SGFT |
| LH194 | 2,31 ± 0,66 ** | 68,57 ± 3,07 ** | 8,30 ± 0,55 ** | 0,96 ± 0,09 ** | 1,30 ± 0,20 ** | SGFT |
| NC258 | 3,90 ± 0,74 ** | 75,73 ± 3,24 ** | 7,26 ± 0,65 ** | 1,31 ± 0,12 ** | 0,92 ± 0,21 ** | SGFT |
| PA8630 | 1,91 ± 0,74 * | 70,52 ± 3,24 ** | 9,36 ± 0,65 ** | 1,05 ± 0,12 ** | 1,14 ± 0,21 ** | SGFT |
| PHG39 | 2,48 ± 0,61 ** | 69,13 ± 2,92 ** | 7,79 ± 0,48 ** | 1,26 ± 0,08 ** | 1,17 ± 0,18 ** | SGFT |
| PHK93 | 3,41 ± 0,66 ** | 71,66 ± 3,07 ** | 7,51 ± 0,55 ** | 1,22 ± 0,09 ** | 0,97 ± 0,20 ** | SGFT |
| PHM49 | 2,30 ± 0,63 ** | 68,04 ± 2,96 ** | 7,56 ± 0,50 ** | 1,18 ± 0,09 ** | 1,33 ± 0,18 ** | SGFT |
| PHT55 | 1,83 ± 0,63 ** | 68,08 ± 2,96 ** | 6,52 ± 0,50 ** | 1,45 ± 0,09 ** | 1,30 ± 0,18 ** | SGFT |
| T8 | 4,39 ± 0,68 ** | 74,34 ± 3,07 ** | 8,50 ± 0,57 ** | 1,17 ± 0,10 ** | 1,10 ± 0,19 ** | SGFT |
| EZ14 | 2,85 ± 0,66 ** | 72,57 ± 3,07 ** | 9,38 ± 0,55 ** | 1,44 ± 0,09 ** | 0,36 ± 0,20 | SGFP |
| G | 2,41 ± 0,74 ** | 75,67 ± 3,23 ** | 8,52 ± 0,65 ** | 1,34 ± 0,12 ** | 1,10 ± 0,21 ** | SGFP |
| PHP60 | 3,35 ± 0,84 ** | 71,26 ± 3,54 ** | 8,23 ± 0,78 ** | 1,11 ± 0,14 ** | 1,18 ± 0,25 ** | SGFP |
| B54 | 1,40 ± 1,10 | 61,99 ± 4,32 ** | 8,49 ± 1,08 ** | 1,10 ± 0,20 ** | 1,15 ± 0,33 ** | NSG |
| B95 | 2,81 ± 0,74 ** | 66,47 ± 3,24 ** | 6,50 ± 0,65 ** | 1,91 ± 0,12 ** | 1,11 ± 0,21 ** | NSG |
| B96 | 2,62 ± 0,84 ** | 58,92 ± 3,54 ** | 6,20 ± 0,78 ** | 1,71 ± 0,14 ** | 0,40 ± 0,25 | NSG |
| DE1 | 1,39 ± 0,68 * | 65,66 ± 3,07 ** | 7,16 ± 0,57 ** | 1,21 ± 0,10 ** | 1,72 ± 0,19 ** | NSG |
| DE2 | 2,66 ± 0,74 ** | 59,45 ± 3,24 ** | 5,59 ± 0,65 ** | 1,32 ± 0,12 ** | 1,69 ± 0,21 ** | NSG |
| LH159 | 2,60 ± 0,66 ** | 66,18 ± 3,07 ** | 7,93 ± 0,55 ** | 1,17 ± 0,09 ** | 0,71 ± 0,20 ** | NSG |
| Mo12 | 2,08 ± 0,63 ** | 70,35 ± 2,96 ** | 7,81 ± 0,50 ** | 1,18 ± 0,09 ** | 0,84 ± 0,18 ** | NSG |
| PHG84 | 2,41 ± 0,61 ** | 64,77 ± 2,92 ** | 5,93 ± 0,48 ** | 1,79 ± 0,08 ** | 1,07 ± 0,18 ** | NSG |
| PHM57 | 3,41 ± 0,74 ** | 58,15 ± 3,24 ** | 6,18 ± 0,65 ** | 1,66 ± 0,12 ** | 1,21 ± 0,21 ** | NSG |
| PHV53 | 4,24 ± 0,61 ** | 56,28 ± 2,92 ** | 5,72 ± 0,48 ** | 1,71 ± 0,08 ** | 1,25 ± 0,18 ** | NSG |
| NC300 | 4,16 ± 0,69 ** | 69,76 ± 3,07 ** | 8,81 ± 0,55 ** | 1,44 ± 0,10 ** | 0,39 ± 0,21 | SGC |
| PHGV6 | 3,35 ± 0,68 ** | 69,14 ± 3,07 ** | 7,55 ± 0,57 ** | 1,25 ± 0,10 ** | 0,82 ± 0,19 ** | SGC |
| PHJ31 | 4,53 ± 0,74 ** | 67,52 ± 3,23 ** | 9,68 ± 0,65 ** | 1,28 ± 0,12 ** | 0,27 ± 0,21 | SGC |
| SGFT-NSGT | -0,12 ± 0,25 | 4,56 ± 1,06 ** | 0,53 ± 0,29 | -0,23 ± 0,06 ** | 0,12 ± 0,09 | |
| SGFP-SGFT | 0,09 ± 0,41 | 3,00 ± 1,91 | 1,04 ± 0,56 | 0,11 ± 0,11 | -0,36 ± 0,14 * | |
| SGFP-NSGP | 0,19 ± 0,42 | 9,98 ± 1,94 ** | 2,14 ± 0,56 ** | -0,14 ± 0,11 | -0,37 ± 0,14 * | |
| SGFT-NSGP | 0,09 ± 0,27 | 6,76 ± 1,01 ** | 1,06 ± 0,26 ** | -0,25 ± 0,06 ** | -0,02 ± 0,09 | |

RBIO = rendimiento de biomasa ($t \cdot ha^{-1}$); HUMBIO = humedad de biomasa (%); PROTBIO = contenido de proteína en la biomasa (%); SEN = tipo de senescencia; SGFP = stay green funcional precoz (60 ddff); SGFT = stay green funcional tardío (75 ddff); NSGT = stay green no funcional (75 ddff); NSGP = stay green no funcional (60 ddff); SGC = stay green cosmético; **, * = Significativo al 1 y 5% de probabilidad, respectivamente.

4.2 MAPEO DE QTL ASOCIADOS A LA SENESCENCIA EN UNA POBLACIÓN MULTIPARENTAL

El objetivo del presente estudio fue identificar QTL asociados a la senescencia en una población de líneas puras recombinantes de maíz (RIL), provenientes de la variedad sintética 21 (EPS21).

4.2.1 Análisis estadístico de datos fenotípicos

Después del filtrado de las RIL, finalmente se analizaron 465 líneas que fueron comunes en los dos ambientes evaluados. El parental EP17 fue eliminado de los análisis, debido a que se encontró contaminación en la semilla utilizada, lo cual fue confirmado por los resultados del genotipado.

Bajo las condiciones ambientales de Pontevedra, los resultados del análisis de varianza combinado para todos los caracteres evaluados mostraron diferencias significativas ($P \leq 0,05$) entre RIL y entre parentales. Las medias generales estimadas en floración en las RIL para el

índice de clorofila, fluorescencia mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II y aspecto visual fueron de 43,54, 63,74, 0,740 y 3,74, respectivamente. Estos mismos caracteres evaluados dos meses después de la floración, mostraron promedios de 8,18, 54,28, 0,344 y 1,55, respectivamente (Tabla 4.13). Se estimó una disminución diaria de 0,67, 0,20, 0,007 y 0,04 unidades del índice de clorofila, fluorescencia cloroflica mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema químico II y aspecto, respectivamente. El promedio de rendimiento de las líneas fue de 40,43 g · planta⁻¹ y la floración femenina promedio se produjo alrededor de los 69 días después de la siembra (Tabla 4.14).

Respecto a la heredabilidad, la mayoría de caracteres mostraron valores inferiores al 60%, a excepción de días a la floración femenina, índice de clorofila (evaluado en floración y dos meses después de la misma), fluorescencia evaluada en floración y aspecto de planta dos meses después de la floración femenina, que presentaron valores entre 62 y 81% (Tablas 4.13 y 4.14).

Tabla 4.13 Medias, errores estándar y heredabilidades de 465 RIL y medias de 7 parentales estimadas para cuatro caracteres fisiológicos, evaluados en dos etapas fenológicas de la población multiparental EPS21.

| Genotipos | Caracteres fisiológicos | | | | | | | |
|-----------------------|-------------------------|-------------------|-----------------------------------|-----------|--|-------------------|-----------------------------------|-----------|
| | Evaluación en floración | | | | Evaluación dos meses después de la floración | | | |
| | CLO_1 | F ₀ _1 | F _v /F _m _1 | ASP_1 | CLO_2 | F ₀ _2 | F _v /F _m _2 | ASP_2 |
| RIL | | | | | | | | |
| Media | 43,54±0,41 | 63,74±0,20 | 0,740±0,001 | 3,74±0,01 | 8,18±0,35 | 54,28±1,29 | 0,344±0,011 | 1,55±0,03 |
| Rango | 11,0-66,5 | 53,8-83,5 | 0,637-0,789 | 2,9-4,5 | -0,3-45,2 | 3,9-126,6 | -0,020-0,758 | 0,8-3,8 |
| <i>h</i> ² | 0,75 | 0,81 | 0,58 | 0,27 | 0,63 | 0,42 | 0,49 | 0,69 |
| Padres | | | | | | | | |
| A509 | 38,23 | 60,61 | 0,744 | 3,51 | 1,78 | 18,82 | 0,102 | 1,08 |
| EP125 | 31,28 | 62,15 | 0,743 | 3,56 | 2,92 | 40,18 | 0,268 | 1,19 |
| EP43 | 41,33 | 83,67 | 0,679 | 3,79 | 5,88 | 44,11 | 0,160 | 1,13 |
| EP53 | 62,27 | 64,75 | 0,746 | 3,70 | 10,04 | 57,73 | 0,366 | 1,52 |
| EP86 | 38,07 | 63,78 | 0,738 | 3,97 | 7,21 | 48,34 | 0,375 | 1,69 |
| F473 | 53,45 | 67,01 | 0,729 | 3,72 | 4,64 | 80,35 | 0,418 | 1,37 |
| PB130 | 44,19 | 57,86 | 0,755 | 3,60 | 8,85 | 61,32 | 0,539 | 1,50 |
| LSD (P>0.05) | 8,30 | 1,74 | 0,025 | 0,54 | 8,17 | 36,16 | 0,274 | 0,39 |

CLO_1, F₀_1, F_v/F_m_1, ASP_1 = índice de clorofila, fluorescencia mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, aspecto (escala 1-5) evaluados en floración femenina; CLO_2, F₀_2, F_v/F_m_2, ASP_2 = índice de clorofila, fluorescencia mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, aspecto (escala 1-5) evaluados dos meses después de la floración femenina.

Tabla 4.14 Medias, errores estándar y heredabilidades de 465 RIL y medias de 7 parentales estimadas para caracteres fisiológicos y agronómicos evaluados en la población multiparental EPS21.

| Genotipos | Disminución diaria del carácter | | | | Caracteres agronómicos | |
|-----------------------|---------------------------------|-----------------|---------------------------------|---------------|------------------------|-------------|
| | dCLO | dF ₀ | dF _v /F _m | dASP | DFF | RG |
| RIL | | | | | | |
| Media | -0,67±0,01 | -0,2±0,02 | -0,007±0,0002 | -0,04±0,00045 | 69,49±0,19 | 40,43±0,63 |
| Rango | -1,14-0,19 | -1,3-0,89 | -0,016-0,001 | -0,06-0,0042 | 59,53-83,66 | 2,83-102,72 |
| <i>h</i> ² | 0,60 | 0,43 | 0,47 | 0,51 | 0,81 | 0,51 |
| Padres | | | | | | |
| A509 | -0,70 | -0,78 | -0,012 | -0,04 | 65,83 | 33,90 |
| EP125 | -0,54 | -0,43 | -0,009 | -0,04 | 64,50 | 44,63 |
| EP43 | -0,67 | -0,74 | -0,009 | -0,05 | 73,14 | 9,76 |
| EP53 | -0,99 | -0,12 | -0,007 | -0,04 | 62,50 | 37,90 |
| EP86 | -0,58 | -0,29 | -0,007 | -0,04 | 70,12 | 42,26 |
| F473 | -0,94 | 0,21 | -0,006 | -0,04 | 74,69 | 34,51 |
| PB130 | -0,66 | 0,04 | -0,004 | -0,04 | 69,67 | 31,99 |
| LSD (P>0.05) | 0,13 | 0,70 | 0,005 | 0,01 | 4,05 | 9,67 |

dCLO, dF₀, dF_v/F_m, dASP = disminución diaria del índice de clorofila, fluorescencia, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II y aspecto (escala 1-5); DFF = días a la floración femenina (días), RG = rendimiento de grano (g · planta⁻¹).

4.2.2 Análisis de correlación

De las 91 correlaciones genéticas realizadas entre los 14 caracteres evaluados, 60 fueron significativas y, de estas, el 43,3% presentaron coeficientes altos ($r > 0,70$). El carácter aspecto de planta evaluado en floración, presentó correlación positiva y significativa con diez de los 13 caracteres comparados, mostrando coeficientes de correlación altos y superiores a 0,62. Además, la fluorescencia clorofílica evaluada dos meses después de la floración femenina mostró una correlación positiva y significativa en 11 de los 13 caracteres estudiados, los que presentaron coeficientes de correlación entre 0,23 y 1,00.

Con respecto a las correlaciones fenotípicas entre los 14 caracteres estudiados, 64 fueron significativas, de las cuales solamente siete correlaciones fueron altas ($r > 0,80$) mientras que los coeficientes restantes variaron entre 0,08 y 0,64 (bajos a moderados) (Tabla 4.15).

Tabla 4.15 Coeficientes de correlación genética y fenotípica entre caracteres fisiológicos y agronómicos evaluados en la población multiparental EPS21.

| | CLO_1 | F ₀ _1 | F _v /F _m _1 | ASP_1 | CLO_2 | F ₀ _2 | F _v /F _m _2 | ASP_2 | dCLO | dF ₀ | dF _v /F _m | dASP | DFF | RG |
|-----------------------------------|-------|-------------------|-----------------------------------|-------|-------|-------------------|-----------------------------------|-------|-------|-----------------|---------------------------------|-------|-------|-------|
| CLO_1 | | -0,01 | 0,36* | 0,70* | 0,43* | 0,32* | 0,30* | 0,17* | -0,70 | 0,32* | 0,27* | 0,02 | -0,05 | 0,20* |
| F ₀ _1 | -0,08 | | -0,61 | -0,03 | 0,05 | 0,23* | -0,03 | -0,03 | 0,03 | -0,01 | 0,04 | -0,03 | 0,18* | -0,16 |
| F _v /F _m _1 | 0,26† | -0,47 | | 0,62* | 0,26* | 0,17 | 0,27* | 0,29* | -0,12 | 0,32* | 0,15 | 0,17 | -0,01 | 0,21* |
| ASP_1 | 0,20† | 0,01 | 0,13† | | 0,93 | 1,00* | 0,96* | 0,76* | 0,07 | 1,00* | 0,97* | 0,74* | 0,75* | 0,64* |
| CLO_2 | 0,26† | -0,01 | 0,13† | 0,20 | | 0,75* | 0,87* | 0,83 | 0,35* | 0,73* | 0,87* | 0,75* | 0,43* | 0,15 |
| F ₀ _2 | 0,14† | 0,12† | 0,08† | 0,24† | 0,47† | | 0,85* | 0,89* | 0,32* | 0,97* | 0,86* | 0,86 | 0,58* | 0,30* |
| F _v /F _m _2 | 0,10† | 0,02 | 0,10† | 0,19† | 0,55† | 0,83† | | 1,00* | 0,35 | 0,88* | 1,00* | 1,00 | 0,48* | 0,29* |
| ASP_2 | 0,09† | -0,02 | 0,14† | 0,24† | 0,64 | 0,51† | 0,60† | | 0,50* | 0,89* | 1,00* | 1,00* | 0,47* | 0,15 |
| dCLO | -0,65 | 0,06 | -0,12 | -0,03 | 0,54† | 0,26† | 0,35† | 0,41† | | 0,31* | 0,45* | 0,57* | 0,38* | -0,06 |
| dF ₀ | 0,16† | -0,04 | 0,16† | 0,23† | 0,48† | 0,98† | 0,85† | 0,52† | 0,26† | | 0,87* | 0,85* | 0,52* | 0,39 |
| dF _v /F _m | 0,08† | 0,07† | -0,01 | 0,17† | 0,55† | 0,83† | 0,99† | 0,59† | 0,37† | 0,84† | | 1,00* | 0,49* | 0,27* |
| dASP | 0,01 | -0,03 | 0,09† | -0,17 | 0,56† | 0,45 | 0,55 | 0,91† | 0,43† | 0,46† | 0,55† | | 0,37* | 0,04 |
| DFF | -0,11 | 0,14† | 0,03 | 0,21† | 0,28† | 0,30† | 0,28† | 0,34† | 0,30† | 0,28† | 0,28† | 0,25† | | -0,10 |
| RG | 0,19† | -0,13 | 0,13† | 0,27† | 0,18† | 0,15† | 0,14† | 0,18 | -0,02 | 0,19 | 0,13† | 0,07 | -0,13 | |

CLO_1, F₀_1, F_v/F_m_1, ASP_1 = índice de clorofila, fluorescencia mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, aspecto (escala 1-5) evaluados en floración femenina; CLO_2, F₀_2, F_v/F_m_2, ASP_2 = índice de clorofila, fluorescencia mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, aspecto (escala 1-5) evaluados dos meses después de la floración femenina; dCLO, dF₀, dF_v/F_m, dASP = disminución diaria del índice de clorofila, fluorescencia mínima, rendimiento cuántico máximo del fotosistema II y aspecto (escala 1-5); DFF = días hasta la floración femenina; RG = rendimiento de grano (g · planta⁻¹); * Coeficientes de correlación genética (r_s , sobre la diagonal) que superan dos veces su error estándar; † Coeficientes de correlación fenotípica (r_p , debajo de la diagonal) que superan dos veces su error estándar.

4.2.3 SNP significativos asociados al índice de clorofila

El nivel de corte para todos los caracteres y la base de datos utilizada (224363 SNP) fue de $2,42 \times 10^{-5}$ o bien 4,61 en \log_{10} (*valor p*).

Para el carácter índice de clorofila evaluado en floración femenina se identificaron 32 SNP significativamente asociados con dicho carácter, de los cuales siete fueron localizados en el cromosoma 1, uno en el cromosoma 3, dos en el cromosoma 4, ocho en el cromosoma 5, uno en el cromosoma 7, uno en el cromosoma 8 y doce en el cromosoma 10 (Tabla 4.16; Gráfico 4.5 A). Seis y siete de los alelos de mayor frecuencia en el cromosoma 1 y 5 de cada uno de los SNP incrementaron el índice de clorofila, mientras el resto de SNP en los cromosomas antes mencionados y restantes disminuyeron el efecto del carácter. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP varió de 0,040 a 0,083. Los efectos aditivos oscilaron entre 2,17 y 5,34 (Tabla 4.16).

Para índice de clorofila evaluado a los dos meses después de la floración femenina se identificaron 19 SNP significativos asociados al carácter; de estos, tres fueron localizados en el cromosoma 1, ocho en el cromosoma 3, cuatro en el cromosoma 4, tres en el cromosoma 5 y uno en el cromosoma 6 (Tabla 4.17; Gráfico 4.5 B). En este caso, todos los alelos con mayor frecuencia en cada uno de los SNP disminuyeron el índice de clorofila de las líneas. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP varió de 0,047 hasta 0,087. Los efectos aditivos fluctuaron entre 1,91 y 3,97 (Tabla 4.17).

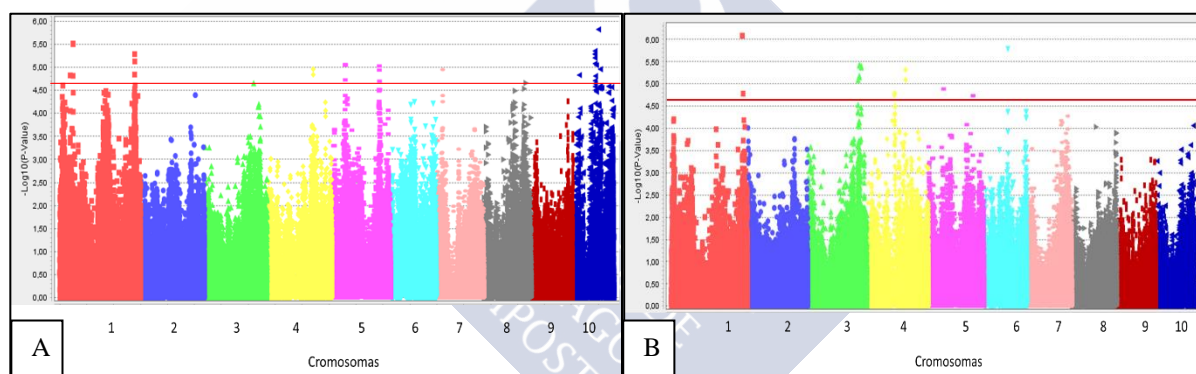


Gráfico 4.5 Resultados del GWAS para el carácter contenido de clorofila en floración femenina (A) y dos meses después de la floración femenina (B), en una población multiparental. Cada punto representa los valores- p de los 224363 SNP probados en el análisis. Los puntos sobre la línea roja representan los SNP significativamente asociados con el índice de clorofila para cada cromosoma del genoma de maíz.

Tabla 4.16 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al índice de clorofila en floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S1_39067705 | A | C | A | C | N | N | N | N | A/C | 133/104 | 2,53 | 1,50E-05 | 0,083 |
| S1_49649566 | C | C | N | N | C | C | C | C | C/T | 333/21 | 4,24 | 1,55E-05 | 0,051 |
| S1_49649568 | T | T | N | N | T | T | T | T | T/G | 309/23 | 4,46 | 3,08E-06 | 0,063 |
| S1_49658620 | C | C | N | N | C | C | C | C | C/T | 378/32 | 3,78 | 3,16E-06 | 0,053 |
| S1_278163516 | N | T | C | T | C | N | C | C | C/T | 172/105 | 2,37 | 1,45E-05 | 0,061 |
| S1_278356935 | G | G | A | G | N | N | A | A | A/G | 168/151 | 2,29 | 5,23E-06 | 0,059 |
| S1_278992401 | N | A | A | A | A | A | G | G | G/A | 122/303 | 2,21 | 7,49E-06 | 0,047 |
| S3_181767075 | G | G | N | G | G | N | G | G | T/G | 21/378 | 4,19 | 2,24E-05 | 0,045 |
| S4_170805517 | N | G | A | G | N | N | N | N | A/G | 94/171 | 2,49 | 1,10E-05 | 0,071 |
| S4_170805550 | N | A | G | A | N | N | N | N | G/A | 90/176 | 2,49 | 1,46E-05 | 0,068 |
| S5_48503994 | A | N | N | G | G | G | G | G | G/A | 287/48 | 3,12 | 1,89E-05 | 0,054 |
| S5_48504499 | G | N | N | C | C | C | C | N | C/G | 300/45 | 3,33 | 8,92E-06 | 0,057 |
| S5_48504501 | T | N | N | C | C | C | C | N | C/T | 300/45 | 3,33 | 8,92E-06 | 0,057 |
| S5_48504503 | C | N | N | G | G | G | G | N | G/C | 300/45 | 3,33 | 8,92E-06 | 0,057 |
| S5_48504506 | G | N | N | T | T | T | T | N | T/G | 300/45 | 3,33 | 8,92E-06 | 0,057 |
| S5_174936437 | N | A | G | N | G | N | N | G | G/A | 172/160 | 2,20 | 9,41E-06 | 0,059 |
| S5_174936444 | N | A | T | N | T | N | N | T | T/A | 174/161 | 2,17 | 1,15E-05 | 0,058 |
| S5_175598960 | C | C | C | A | C | C | C | C | A/C | 57/397 | 2,77 | 2,01E-05 | 0,040 |
| S7_23234742 | G | N | C | N | C | N | G | C | G/C | 87/268 | 2,43 | 1,13E-05 | 0,053 |
| S8_155643923 | A | A | A | G | N | A | N | A | G/A | 112/230 | 2,42 | 2,21E-05 | 0,051 |
| S10_22131980 | G | G | N | G | G | G | G | G | C/G | 39/367 | 3,27 | 1,48E-05 | 0,047 |
| S10_80046122 | N | G | G | G | G | G | N | G | C/G | 24/354 | 4,55 | 4,47E-06 | 0,057 |
| S10_80046137 | N | G | G | G | G | G | N | G | T/G | 24/355 | 4,52 | 5,22E-06 | 0,056 |
| S10_80046138 | N | C | C | C | C | C | N | C | G/C | 25/352 | 4,43 | 6,30E-06 | 0,055 |
| S10_80046140 | N | C | C | C | C | C | N | C | A/C | 24/355 | 4,52 | 5,22E-06 | 0,056 |
| S10_80590477 | A | N | N | N | A | A | A | A | G/A | 18/330 | 5,00 | 8,36E-06 | 0,056 |
| S10_80616280 | C | C | C | C | C | C | C | C | T/C | 22/395 | 4,36 | 1,97E-05 | 0,044 |
| S10_81181498 | C | C | C | C | C | C | C | C | T/C | 27/433 | 3,97 | 2,27E-05 | 0,040 |
| S10_82041409 | A | A | A | A | A | A | A | A | G/A | 29/422 | 3,94 | 1,56E-05 | 0,042 |
| S10_85588442 | N | C | N | C | N | N | C | C | A/C | 20/300 | 4,66 | 9,08E-06 | 0,059 |
| S10_93396330 | T | T | C | N | N | T | T | T | C/T | 17/323 | 5,34 | 1,52E-06 | 0,065 |
| S10_99942058 | T | T | T | T | T | T | T | T | C/T | 28/407 | 3,99 | 1,11E-05 | 0,044 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

Tabla 4.17 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al índice de clorofila dos meses después de la floración femenina, evaluado en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|--------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|-----------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S1_279901234 | C | T | T | C | T | T | C | C | C/T | 112/191 | 2,26 | 8,26E-07 | 0,084 |
| S1_279901243 | C | G | G | C | G | G | C | C | C/G | 112/191 | 2,26 | 8,26E-07 | 0,084 |
| S1_282899913 | G | G | N | G | G | G | G | N | A/G | 55/345 | 2,39 | 1,66E-05 | 0,047 |
| S3_196153899 | C | C | N | T | C | C | C | N | T/C | 26/282 | 3,46 | 8,24E-06 | 0,062 |
| S3_201194856 | G | G | A | G | G | A | G | G | A/G | 68/389 | 2,36 | 6,65E-06 | 0,045 |
| S3_201538092 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 121/283 | 1,96 | 3,82E-06 | 0,053 |
| S3_201538103 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 125/262 | 1,91 | 7,17E-06 | 0,051 |
| S3_201538104 | C | C | T | T | C | T | C | C | T/C | 121/283 | 1,96 | 3,82E-06 | 0,053 |
| S3_201538113 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 121/283 | 1,96 | 3,82E-06 | 0,053 |
| S3_208904821 | C | N | N | C | N | G | N | C | G/C | 26/225 | 3,68 | 4,03E-06 | 0,073 |
| S3_208904825 | A | N | N | A | N | G | N | A | G/A | 26/221 | 3,67 | 4,35E-06 | 0,073 |
| S4_106631292 | G | G | G | G | G | N | N | G | A/G | 19/233 | 3,85 | 1,78E-05 | 0,078 |
| S4_108425620 | T | T | T | N | T | T | N | T | G/T | 21/275 | 3,71 | 1,62E-05 | 0,056 |
| S4_150637753 | T | N | N | N | T | N | T | T | C/T | 21/315 | 3,85 | 4,85E-06 | 0,065 |
| S4_150637846 | G | G | N | N | G | N | N | G | A/G | 21/325 | 3,75 | 8,15E-06 | 0,061 |
| S5_58599162 | N | G | G | G | G | G | G | G | A/G | 74/313 | 2,17 | 1,30E-05 | 0,047 |
| S5_174114678 | A | A | A | N | A | N | A | A | T/A | 17/303 | 3,97 | 1,85E-05 | 0,061 |
| S5_174114682 | G | G | G | N | G | N | G | G | C/G | 17/303 | 3,97 | 1,85E-05 | 0,061 |
| S6_93190538 | G | N | N | N | A | N | N | G | A/G | 82/178 | 2,51 | 1,63E-06 | 0,087 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

4.2.4 Haplotipos del QTL para los SNP significativos asociados al índice de clorofila

Para cada SNP significativo se estableció su bloque de ligamiento usando el software Haploview. Cada bloque de ligamiento delimita el intervalo de confianza del QTL asociado significativamente al carácter de interés.

Para el índice de clorofila evaluado en floración femenina se identificaron tres SNP importantes en el cromosoma 1 (S1_278163516, S1_278356935 y S1_278992401) que se correspondieron con tres bloques de ligamiento diferentes, de modo que se identificaron tres QTL distintos. El efecto aditivo teórico de estos QTL varió desde 5,9 hasta 32,4. El haplotipo favorable de los QTL estuvo presente en el 49, 67 y 23% de las líneas evaluadas (Tabla 4.18; Gráfica 4.6).

Al evaluar el índice de clorofila dos meses después de la floración femenina se identificaron siete SNP importantes en los cromosomas 1 y 3, los mismos que correspondieron a tres bloques de ligamiento, por lo que solamente se detectaron 3 QTL. El primer QTL incluyó a dos SNP significativos, el QTL 2 a cuatro SNP significativos y el QTL 3 a un SNP significativo. El efecto aditivo teórico de los QTL fluctuó entre 4,5 y 24,6. El haplotipo favorable de los QTL fue detectado en el 38, 28 y 45% de líneas evaluadas, respectivamente (Tabla 4.19; Gráfica 4.7).

Tabla 4.18 Marcadores flanqueantes del bloque de ligamiento, efecto aditivo de los parentales, longitud del QTL, haplotipo que incrementa, haplotipo que disminuye, sumatorio del efecto aditivo real del haplotipo que incrementa el índice de clorofila, sumatorio del efecto aditivo teórico para cada SNP o grupo de SNP significativamente asociados al índice de clorofila en floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo | Marcadores flanqueantes | Efecto aditivo o rango del efecto aditivo en las líneas progenitoras o parentales | | | | | | | | | TQTL | HF | HD | ΣEAT | ΣEAR | EAP |
|----------------------|----------------------------|---|--------------|------------|----------|----------|------------|------|-------|-----|----------|----------|----------|------|------|-----|
| | | A509 | EP125 | EP17 | EP43 | EP53 | EP86 | F473 | PB130 | | | | | | | |
| S1_278163516 | S1_278163476 - | -10,7, -19,4 | -16,5, -19,4 | -8,2, -11 | -3,6, -8 | 6,5, 2,8 | 3,1, -5,1 | 6,5 | 6,5 | 189 | TCTCGACG | GTTCACG | GCACGTGG | 32,4 | 11,6 | 5,3 |
| | S1_278352686 | | | | | | | | | | ATACGTGG | GGAG | GAAA | | | |
| S1_278356935 | S1_278353505 - | 3,5, -5,3 | -2,8 | 7,9, 4,6 | 3,1, -3 | 7,9, 2,3 | 7,9, -3,9 | 7,2 | 7,2 | 4 | ATGTCCAG | CCAGATGG | GCCGTAAA | 13,3 | 9,5 | 0,3 |
| | S1_278357906 | | | | | | | | | | GCCGTAAA | CAT | CAT | | | |
| S1_278992401 | S1_278909244 - | -1,6, -3,8 | -4,5 | -2,2, -4,5 | -3,8 | -2,4 | -3,8, -4,5 | -0,2 | 1,4 | 159 | GGGG | CTAC | | 5,9 | 1,9 | 1,9 |
| | S1_279068377 | | | | | | | | | | | | | | | |

TQTL = tamaño del QTL (Kpb); HF = haplotipo que incrementa el efecto aditivo si lleva esos alelos; HD = haplotipo que disminuye el efecto aditivo si lleva esos alelos; ΣEAT = sumatorio del efecto aditivo teórico, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento; ΣEAR = efecto aditivo real, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento y restados del promedio total de toda la población; EAP = efecto aditivo basado en el genotipo de los parentales.

Tabla 4.19 Marcadores flanqueantes del bloque de ligamiento, efecto aditivo de los parentales, longitud del QTL, haplotipo que incrementa, haplotipo que disminuye, sumatorio del efecto aditivo real del haplotipo que incrementa el índice de clorofila, sumatorio del efecto aditivo teórico para cada SNP o grupo de SNP significativamente asociados al índice de clorofila dos meses después de la floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo | Marcadores flanqueantes | Efecto aditivo o rango del efecto aditivo en las líneas progenitoras o parentales | | | | | | | | | | TQTL | HF | HD | ΣEAT | ΣEAR | EAP |
|----------------------|--------------------------------|---|-------------|------------|-----------|------------|------------|-------------|-------|-------|-------|---|---|------|------|------|-----|
| | | A509 | EP125 | EP17 | EP43 | EP53 | EP86 | F473 | PB130 | | | | | | | | |
| S1_279901234 | S1_279901234 - S1_279901243 | 4,5 | 0,0 | 0,0 | 4,5 | 0,0 | 0,0 | 4,5 | 4,5 | 4,5 | 0,009 | CC | TG | 4,5 | 2,3 | 2,3 | 2,3 |
| S1_279901243 | S1_279901234 - S1_279901243 | 4,5 | 0,0 | 0,0 | 4,5 | 0,0 | 0,0 | 4,5 | 4,5 | 4,5 | 0,009 | CC | TG | 4,5 | 2,3 | 2,3 | 2,3 |
| S3_201194856 | S3_201189615 - S3_201228263 | -2,6, -7 | -5,9, -11,1 | 12,4, -7,5 | 1, -0,1 | -2,1, -6,6 | 11,1, 5 | -6,2, -11,1 | -6,3 | | 39 | GAGGCTTAC CTGAGTAACA ACAGGCAGA CGGAG | CAGGCTTG CTTTACCCA TTCAAACAA TTTGATG | 24,6 | 3,3 | 4,0 | 4,0 |
| S3_201538092 | S3_201538092 - S3_201545231 | -19,1 | -19,1 | 1,9, -19,1 | 1,9, -1,6 | -19,1 | -1,6, -3,5 | -19,1 | -19,1 | -19,1 | 7 | GGTGTC | AACAGG | 10,5 | 1,5 | 1,5 | 1,5 |
| S3_201538103 | S3_201538092 - S3_201545231 | -19,1 | -19,1 | 1,9, -19,2 | 1,9, -1,7 | -18,1 | -1,6, -3,6 | -19,1 | -19,1 | -19,1 | 7 | GGTGTC | AACAGG | 10,5 | 1,5 | 1,5 | 1,5 |
| S3_201538104 | S3_201538092 - S3_201545231 | -19,1 | -19,1 | 1,9, -19,3 | 1,9, -1,8 | -17,1 | -1,6, -3,7 | -19,1 | -19,1 | -19,1 | 7 | GGTGTC | AACAGG | 10,5 | 1,5 | 1,5 | 1,5 |
| S3_201538113 | S3_201538092 - S3_201545231 | -19,1 | -19,1 | 1,9, -19,4 | 1,9, -1,9 | -16,1 | -1,6, -3,8 | -19,1 | -19,1 | -19,1 | 7 | GGTGTC | AACAGG | 10,5 | 1,5 | 1,5 | 1,5 |

TQTL = tamaño del QTL (Kpb); HF = haplotipo que incrementa el efecto aditivo si lleva esos alelos; HD = haplotipo que disminuye el efecto aditivo si lleva esos alelos; ΣEAT = sumatorio del efecto aditivo teórico, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento; ΣEAR = efecto aditivo real, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento y restados del promedio total de toda la población; EAP = efecto aditivo basado en el genotipo de los parentales.

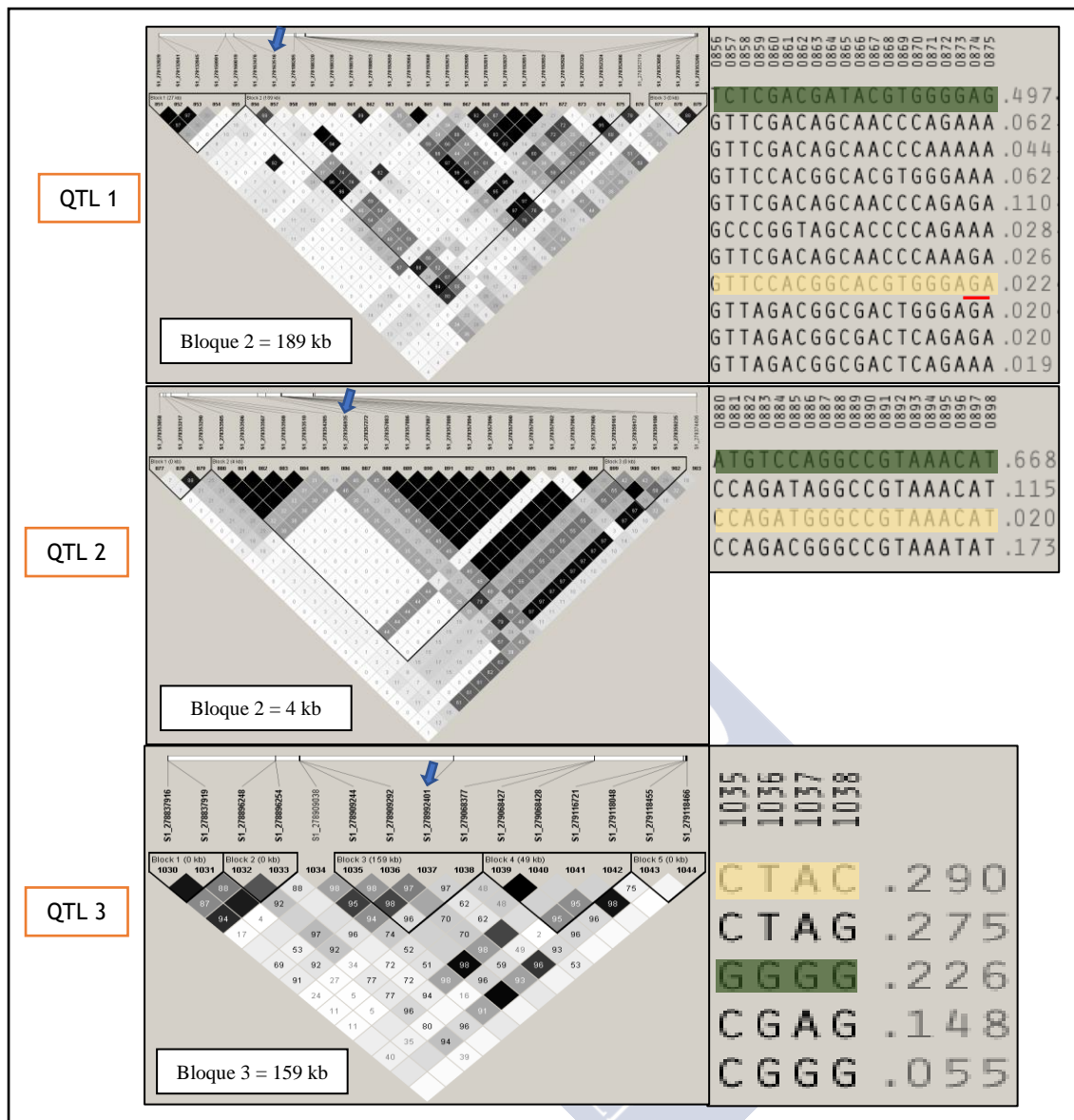


Gráfico 4.6 QTL identificados, SNP significativos (flechas azules), bloque y desequilibrio de ligamiento y haplotipos de los QTL para el índice de clorofila en floración femenina. El desequilibrio de ligamiento fue medido como r^2 entre pares de SNP (color blanco corresponde a $r^2 = 0$; sombreados de gris $0 < r^2 < 1$ y color negro $r^2 = 1$). Los haplotipos que incrementan el carácter están resaltados de color verde, mientras que los que disminuyen el carácter están resaltados de amarillo. Los alelos que no coinciden con el haplotipo total (que incrementa o disminuye el carácter) están subrayados con línea roja.

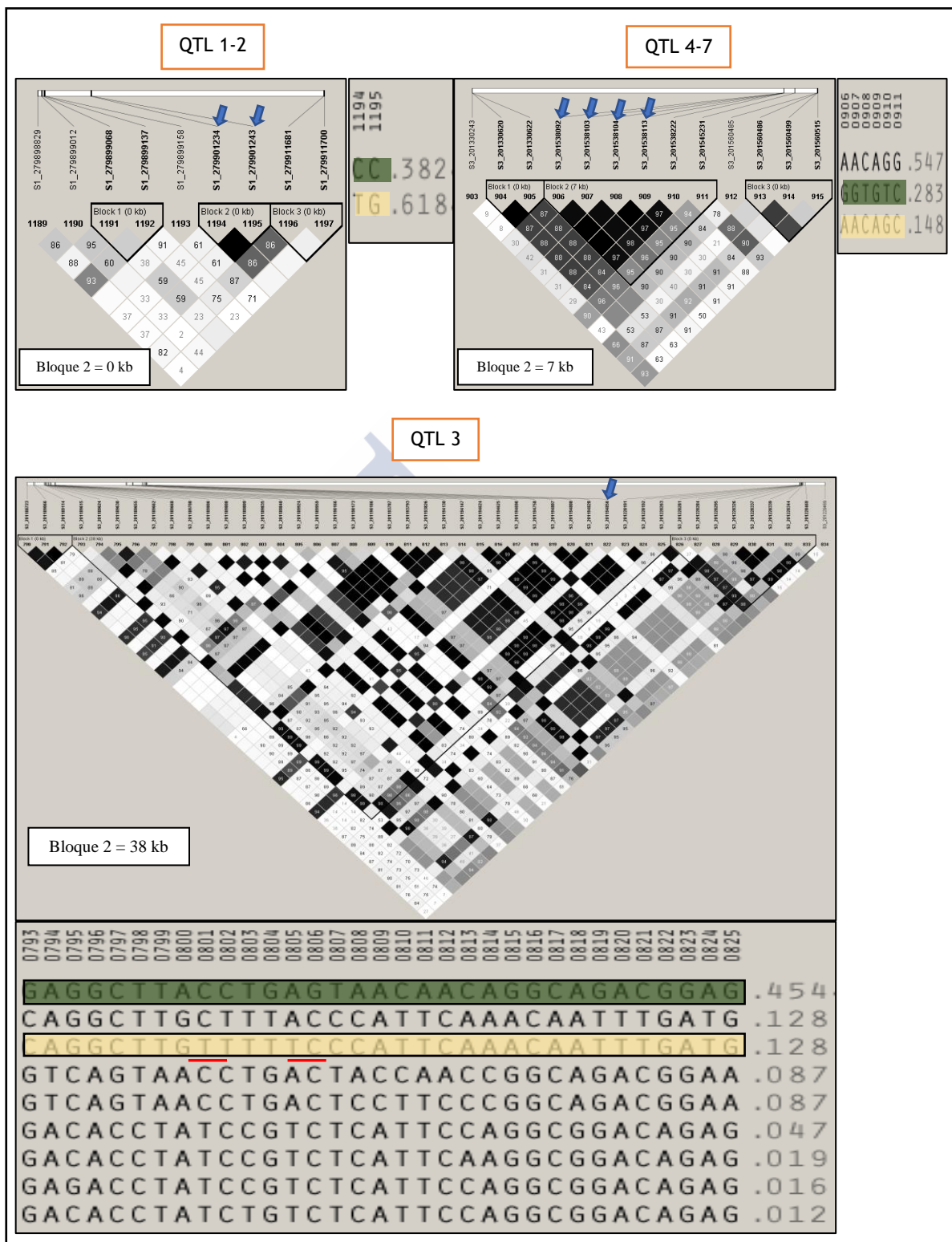


Gráfico 4.7 QTL identificados, SNP significativos (flechas azules), bloque y disequilibrio de ligamiento y haplotipos de los QTL para el carácter índice de clorofila dos meses después de la floración femenina. El disequilibrio de ligamiento fue medido como r^2 entre pares de SNP (color blanco corresponde a $r^2 = 0$; sombreados de gris = $0 < r^2 < 1$ y color negro $r^2 = 1$). Los haplotipos que incrementan el carácter están resaltados de color verde, mientras que los que disminuyen el carácter están resaltados de amarillo. Los alelos que no coinciden con el haplotipo total (que incrementa o disminuye el carácter) están subrayados con línea roja.

4.2.5 Genes candidatos por cada SNP significativo importante asociado al índice de clorofila

Se identificaron seis genes candidatos adyacentes a los SNP asociados al índice de clorofila evaluado en floración femenina para los tres QTL detectados (Tabla 4.20).

Por otro lado, se identificaron diez genes candidatos adyacentes a los SNP asociados al índice de clorofila evaluado dos meses después de la floración femenina para los otros tres QTL (Tabla 4.21).

Tabla 4.20 Cromosoma, marcadores flanqueantes, genes candidatos para cada SNP o grupos de SNP asociados significativamente al índice de clorofila en la floración femenina evaluado en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo (cromosoma) | Marcadores flanqueantes | Genes y posición en el genoma (B73 RefGen_v2) | Descripción en la base de datos TAIR |
|-------------------------------|-----------------------------|--|--|
| S1_278163516 (1) | S1_278163476 - S1_278352686 | Zm00001d034071 (S1_278113793-S1_278126352) | Nuclear-encoded chloroplast stromal cyclophilin CYP20-3 (also known as ROC4). Protein is tyrosine-phosphorylated and its phosphorylation state is modulated in response to ABA in <i>Arabidopsis thaliana</i> seeds. |
| | | Zm00001d034072 (S1_278192784-S1_278199532) | UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein |
| | | Zm00001d034073 (S1_278228862-S1_278232499) | (ATWRKY57, WRKY57) WRKY DNA-binding protein 57 |
| S1_278356935 (1) | S1_278353505 - S1_278357906 | Zm00001d034074 (S1_278250612-S1_278259617) | Glycosyl transferase family 35 |
| | | (ATCNGC2, CNGC2, DND1) Cyclic nucleotide-regulated ion channel family. 'defense, no death' gene (DND1) encodes a mutated cyclic nucleotide-gated cation channel; Same as CNGC2 (article ID 229): Cyclic nucleotide gated channel, activated by cAMP, conducts K ⁺ and other monovalent cations but excludes Na ⁺ , does not contain the GYG amino acid sequence found in other channels with this conductivity profile. Conducts Ca ²⁺ into cells which is linked to the generation of NO and the NO signaling pathway involved in the innate immune response to pathogens. CNGC2 could be the key step mediating bulk Ca ²⁺ influx into leaf cells after unloading from the vascular and have no direct roles in the leaf development and HR. | |
| | | Zm00001d034076 (S1_278418921-S1_278425448) | |
| S1_278992401 (1) | S1_278909244 - S1_279068377 | Zm00001d034099 (S1_278996225-S1_278999894) | Encodes a leaf-type ferredoxin: NADP(H) oxidoreductase. It is present in both chloroplast stroma and thylakoid membranes but is more abundant in the stroma the mRNA is cell-to-cell mobile. |

Tabla 4.21 Cromosoma, marcadores flanqueantes, genes candidatos para cada SNP o grupos de SNP asociados significativamente al índice de clorofila dos meses después de la floración femenina evaluado en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo (cromosoma) | Marcadores flanqueantes | Genes y posición en el genoma (B73 RefGen_v2) | Descripción en la base de datos TAIR |
|---|--------------------------------|---|--|
| S1_279901234 S1_279901243 (1) | S1_279901234 - S1_279901243 | Zm00001d034137 (S1_279742698-S1_279744047) | Encodes a chloroplast localized subunit of casein kinase4. Functions redundantly with other alpha subunits (1, 2, and 3) in ABA mediated suppression of seed germination, lateral root development and flowering time. Casein kinase II, CK2-mediated phosphorylation enhances the light-induced degradation of PIF1 to promote photomorphogenesis. |
| | | GRMZM2G003421 (S1_279824465-S1_279826154) | Encodes a member of F-box proteins that includes two other proteins in Arabidopsis (ZTL and FKF1). These proteins contain a unique structure containing a PAS domain at their N-terminus, an F-box motif, and 6 kelch repeats at their C-terminus. Overexpression results in arrhythmic phenotypes for a number of circadian clock outputs in both constant light and constant darkness, long hypocotyls under multiple fluences of both red and blue light, and a loss of photoperiodic control of flowering time. Although this the expression of this gene itself is not regulated by circadian clock, it physically interacts with Dof transcription factors that are transcriptionally regulated by circadian rhythm. LKP2 interacts with Di19, CO/COL family proteins. |
| | | Zm00001d005361 (S1_279904827-S1_279909403) | A LAMMER-type protein kinase that co-precipitates with serine/arginine-rich (SR) proteins in vitro, interaction modulated by phosphorylation of the proteins. |
| S3_201194856 (3) | S3_201189615 - S3_201228263 | Zm00001d043574 (S3_201165018-S3_201167249) | Chloroplastic NifS-like protein that can catalyze the conversion of cysteine into alanine and elemental sulfur (S (0)) and of selenocysteine into alanine and elemental Se (Se (0)). |
| S3_201538092 S3_201538103 S3_201538104 S3_201538113 (3) | S3_201538092 - S3_201545231 | Zm00001d043586 (S3_201322694-S3_201323761) | Senescence regulator (Protein of unknown function, DUF584) |
| | | Zm00001d043589 (S3_201371185-S3_201375806) | MADS box gene negatively regulated by APETALA1 |
| | | Zm00001d043592 (S3_201395366-S3_201402538) | Encodes a member of the SPA (suppressor of phyA-105) protein family (SPA1-SPA4). SPA proteins contain an N-terminal serine/threonine kinase-like motif followed by a coiled-coil structure and a C-terminal WD-repeat domain. SPA proteins function redundantly in suppressing photomorphogenesis in dark- and light-grown seedlings. SPA4 (and SPA3) predominantly regulates elongation growth in adult plants. |
| | | Zm00001d043596 (S3_201535824-S3_201536736) | Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein. |
| | | Zm00001d043607 (S3_201861549-S3_201871591) | Encodes a hexokinase (HXK1) in the plant glucose-signaling network. Functions as a glucose sensor to interrelate nutrient, light, and hormone signaling networks for controlling growth and development in response to the changing environment |
| | | Zm00001d043609 (S3_201966295-S3_201973589) | (ANQ1, ATMKK6, MKK6) MAP kinase kinase 6. Encodes a member of the MAP Kinase Kinase family of proteins. It can phosphorylate MPK12 in vitro and it can be dephosphorylated by MKP2 in vitro |

4.2.6 SNP significativos asociados a la fluorescencia clorofílica mínima

Se identificaron 43 SNP significativamente asociados al carácter fluorescencia mínima (F_0) en floración femenina. De ellos, 35 fueron localizados en el cromosoma 1, dos en el cromosoma 2, tres en el cromosoma 3 y uno en los cromosomas 5, 6 y 7, respectivamente (Tabla 4.22; Gráfico 4.8 A). En general la mayoría de los alelos de mayor frecuencia en todos los cromosomas de cada uno de los SNP, disminuyeron el carácter. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP varió de 0,043 a 0,108. Los efectos aditivos fluctuaron entre -1,24 y 2,56 (Tabla 4.22).

Por otra parte, se encontraron 20 SNP significativamente asociados a la fluorescencia mínima evaluada dos meses después de la floración femenina. De ellos, 18 se encontraban en el cromosoma 3, uno en el cromosoma 5 y uno en el cromosoma 8 (Tabla 4.23; Gráfico 4.8 B). Todos los alelos de mayor frecuencia en todos los cromosomas de cada SNP disminuyeron el carácter, a excepción SNP del cromosoma 5 que incrementó el carácter. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP osciló entre 0,046 y 0,084. Los efectos aditivos variaron desde 6,82 hasta 14,61 (Tabla 4.23).

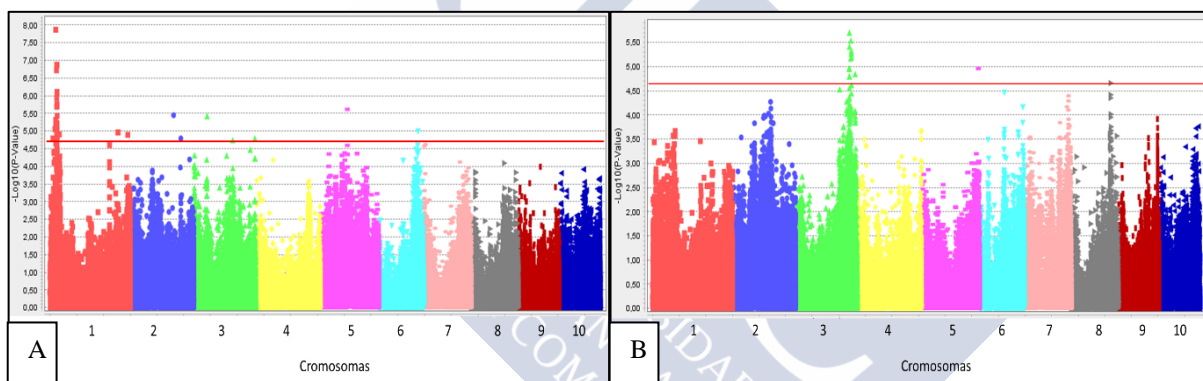


Gráfico 4.8 Resultados del GWAS para el carácter fluorescencia mínima en floración femenina (A) y dos meses después de la floración femenina (B), en una población multiparental. Cada punto representa los valores- p de los 224363 SNP probados en el análisis. Los puntos sobre la línea roja representan los SNP significativamente asociados con el carácter fluorescencia mínima para cada cromosoma del genoma de maíz.

Tabla 4.22 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado a la fluorescencia clorofílica en floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S1_10971254 | G | G | G | A | G | N | G | G | A/G | 16/316 | 2,36 | 1,64E-05 | 0,060 |
| S1_18190570 | G | G | G | A | N | G | N | N | A/G | 23/293 | 2,08 | 8,84E-06 | 0,061 |
| S1_21703366 | C | C | N | G | C | C | C | C | G/C | 27/375 | 1,81 | 2,21E-05 | 0,047 |
| S1_21714481 | G | G | N | N | G | N | N | N | T/G | 28/300 | 1,94 | 4,86E-06 | 0,062 |
| S1_21714543 | T | T | N | A | T | N | T | A | A/T | 32/335 | 1,80 | 6,13E-06 | 0,054 |
| S1_21758984 | C | C | C | A | C | C | N | C | A/C | 25/379 | 2,56 | 1,35E-08 | 0,085 |
| S1_24673475 | A | C | A | C | A | A | A | A | C/A | 45/324 | 1,84 | 1,90E-07 | 0,073 |
| S1_25104823 | G | N | G | A | G | G | G | G | A/G | 42/402 | 1,88 | 1,35E-07 | 0,066 |
| S1_25187529 | T | T | T | G | T | T | T | T | G/T | 36/381 | 1,79 | 2,06E-06 | 0,056 |
| S1_25287700 | T | T | T | C | T | T | T | T | C/T | 23/359 | 2,25 | 1,19E-06 | 0,067 |
| S1_25745017 | T | T | T | C | T | N | T | N | C/T | 51/273 | 1,44 | 2,10E-05 | 0,063 |
| S1_25882412 | C | C | C | N | N | N | C | N | T/C | 39/278 | 1,64 | 1,19E-05 | 0,064 |
| S1_25882429 | G | G | G | N | N | N | G | N | A/G | 39/278 | 1,64 | 1,19E-05 | 0,064 |
| S1_25882437 | G | G | G | N | N | N | G | N | T/G | 39/278 | 1,64 | 1,19E-05 | 0,064 |
| S1_26037555 | G | G | G | T | G | G | G | G | T/G | 46/384 | 1,81 | 1,34E-07 | 0,067 |
| S1_26037640 | A | N | A | G | A | N | A | A | G/A | 42/315 | 1,77 | 7,86E-07 | 0,068 |
| S1_26037654 | G | N | G | T | G | N | G | G | T/G | 42/314 | 1,77 | 8,44E-07 | 0,068 |
| S1_26037694 | G | G | G | T | G | N | G | G | T/G | 42/308 | 1,63 | 6,11E-06 | 0,059 |
| S1_26037701 | G | G | G | A | G | N | G | G | A/G | 42/308 | 1,63 | 6,11E-06 | 0,059 |
| S1_26037715 | T | T | T | G | T | N | T | T | G/T | 42/308 | 1,63 | 6,11E-06 | 0,059 |
| S1_26038293 | C | C | N | A | C | N | C | C | A/C | 42/300 | 1,73 | 1,76E-06 | 0,068 |
| S1_26038329 | A | A | N | T | A | N | A | A | T/A | 42/300 | 1,73 | 1,76E-06 | 0,068 |
| S1_26039897 | A | A | N | G | A | N | A | A | G/A | 38/279 | 1,68 | 9,21E-06 | 0,065 |
| S1_26690897 | G | N | N | A | G | G | G | G | A/G | 48/312 | 1,57 | 3,75E-06 | 0,059 |
| S1_26692540 | C | N | N | N | N | N | N | N | A/C | 31/211 | 1,98 | 1,96E-06 | 0,108 |
| S1_26693647 | G | N | N | N | N | N | N | N | A/G | 29/204 | 1,88 | 8,69E-06 | 0,095 |
| S1_26694070 | C | N | N | A | N | N | N | N | A/C | 31/253 | 1,77 | 1,42E-05 | 0,073 |
| S1_26694075 | A | N | N | C | N | N | N | N | C/A | 31/253 | 1,77 | 1,42E-05 | 0,073 |
| S1_26694078 | A | N | N | T | N | N | N | N | T/A | 31/253 | 1,77 | 1,42E-05 | 0,073 |
| S1_26694079 | A | N | N | C | N | N | N | N | C/A | 31/253 | 1,77 | 1,42E-05 | 0,073 |
| S1_26694115 | G | N | N | T | N | N | N | N | T/G | 31/253 | 1,77 | 1,42E-05 | 0,073 |
| S1_35133728 | G | C | G | G | G | G | G | G | C/G | 18/399 | 2,36 | 1,25E-05 | 0,048 |
| S1_254098677 | C | C | C | N | C | C | C | C | T/C | 17/317 | 2,34 | 1,10E-05 | 0,055 |
| S1_254098687 | C | C | C | N | C | C | C | C | T/C | 17/317 | 2,34 | 1,10E-05 | 0,055 |
| S1_291102452 | A | G | A | N | G | A | G | N | A/G | 208/94 | 1,20 | 1,28E-05 | 0,067 |
| S2_160962926 | C | C | C | C | T | C | C | C | T/C | 19/350 | 2,43 | 3,56E-06 | 0,060 |
| S2_187816927 | C | C | C | C | N | C | N | C | C/T | 350/70 | -1,24 | 1,63E-05 | 0,045 |
| S3_49149279 | T | T | T | C | C | T | T | N | C/T | 94/327 | 1,21 | 3,83E-06 | 0,050 |
| S3_144742460 | T | T | N | N | N | N | C | C | T/C | 178/134 | 1,10 | 1,85E-05 | 0,060 |
| S3_227868893 | T | T | T | A | A | T | T | N | A/T | 64/189 | 1,34 | 1,65E-05 | 0,067 |
| S5_100157583 | T | N | N | G | G | N | N | G | T/G | 115/246 | 1,20 | 2,44E-06 | 0,060 |
| S6_146568385 | G | G | A | N | G | N | G | G | A/G | 60/274 | 1,36 | 1,02E-05 | 0,055 |
| S7_4958091 | G | C | G | C | G | G | G | G | C/G | 61/353 | 1,27 | 2,41E-05 | 0,043 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

Tabla 4.23 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación p y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado a la fluorescencia clorofílica dos meses después de la floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- p ^e | R^2 ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|-------------------------|--------------------|
| S3_200700872 | A | A | N | A | A | C | A | A | C/A | 52/356 | 9,68 | 1,14E-05 | 0,047 |
| S3_200877582 | G | G | N | G | G | A | N | G | A/G | 45/281 | 10,42 | 1,09E-05 | 0,059 |
| S3_201049765 | A | A | N | A | N | G | A | A | G/A | 44/321 | 10,35 | 1,12E-05 | 0,053 |
| S3_201049777 | A | A | N | A | N | G | A | A | G/A | 44/321 | 10,35 | 1,12E-05 | 0,053 |
| S3_201049786 | A | A | N | A | N | G | A | A | G/A | 44/321 | 10,35 | 1,12E-05 | 0,053 |
| S3_201538092 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 120/281 | 6,82 | 1,63E-05 | 0,046 |
| S3_201538103 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 124/260 | 7,34 | 3,93E-06 | 0,056 |
| S3_201538104 | C | C | T | T | C | T | C | C | T/C | 120/281 | 6,82 | 1,63E-05 | 0,046 |
| S3_201538113 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 120/281 | 6,82 | 1,63E-05 | 0,046 |
| S3_201538222 | G | G | N | N | G | G | G | G | T/G | 77/275 | 8,87 | 2,02E-06 | 0,063 |
| S3_206319665 | T | T | N | T | N | C | T | N | C/T | 45/246 | 10,28 | 6,92E-06 | 0,074 |
| S3_207022252 | N | G | N | G | N | N | G | G | A/G | 49/303 | 10,23 | 2,93E-06 | 0,065 |
| S3_208613140 | C | C | C | C | T | C | N | N | T/C | 36/285 | 11,27 | 5,47E-06 | 0,060 |
| S3_208904821 | C | N | N | C | N | G | N | C | G/C | 26/223 | 13,57 | 4,74E-06 | 0,083 |
| S3_208904825 | A | N | N | A | N | G | N | A | G/A | 26/219 | 13,54 | 5,21E-06 | 0,084 |
| S3_208904958 | G | G | N | G | G | A | G | G | A/G | 33/349 | 11,78 | 6,46E-06 | 0,055 |
| S3_208904976 | C | C | N | C | C | T | C | C | T/C | 33/349 | 11,78 | 6,46E-06 | 0,055 |
| S3_223086559 | A | A | N | A | N | G | N | A | G/A | 18/247 | 14,61 | 1,45E-05 | 0,070 |
| S5_212693257 | T | T | T | T | T | A | N | N | T/A | 269/27 | 12,55 | 1,10E-05 | 0,067 |
| S8_148315035 | G | G | G | G | G | N | A | G | A/G | 42/315 | 10,12 | 2,20E-05 | 0,049 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

4.2.7 SNP significativos asociados al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II

Se detectaron 19 SNP significativamente asociados al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II (F_v/F_m) evaluado en floración femenina. De ellos, 16 SNP fueron localizados en el cromosoma 1 y un SNP en los cromosomas 4, 6 y 10, respectivamente (Tabla 4.24; Gráfico 4.9 A). La mayoría de alelos de mayor frecuencia en todos los cromosomas de cada uno de los SNP incrementaron el rendimiento cuántico máximo del fotosistema II. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP osciló entre 0,042 y 0,083. Los efectos aditivos variaron entre 4,97 y 10,16 (Tabla 4.24).

Al evaluar el rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, dos meses después de la floración femenina, se identificaron dos SNP significativamente asociadas a dicho carácter localizados en los cromosomas 3 y 6, respectivamente (Tabla 4.25; Gráfica 4.9 B). Los alelos de mayor frecuencia de estos SNP disminuyeron el carácter. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP fueron de 0,054 y 0,055, respectivamente. Los efectos aditivos de los dos SNP fueron 79,98 y 103,79, respectivamente.

Tabla 4.24 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II en floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S1_45426763 | C | C | C | A | C | N | C | C | C/A | 344/89 | 6,56 | 3,83E-06 | 0,050 |
| S1_45771866 | T | T | T | C | C | T | T | T | T/C | 282/105 | 6,18 | 5,87E-06 | 0,052 |
| S1_45771867 | A | A | A | C | C | A | A | A | A/C | 282/105 | 6,18 | 5,87E-06 | 0,052 |
| S1_45771877 | A | A | A | G | G | A | A | A | A/G | 282/104 | 6,21 | 5,77E-06 | 0,052 |
| S1_45938671 | A | A | A | T | A | A | N | A | A/T | 332/82 | 6,73 | 4,54E-06 | 0,051 |
| S1_46841551 | A | G | G | A | G | G | G | A | G/A | 229/202 | 4,97 | 2,20E-05 | 0,042 |
| S1_47177423 | A | A | N | T | T | N | N | A | A/T | 243/136 | 5,54 | 1,92E-05 | 0,046 |
| S1_47331494 | A | A | N | T | T | N | A | N | A/T | 178/166 | 5,58 | 2,32E-05 | 0,050 |
| S1_47455786 | C | C | N | T | T | C | C | T | C/T | 263/175 | 5,55 | 3,61E-06 | 0,050 |
| S1_47599783 | N | A | T | A | A | T | T | A | T/A | 149/187 | 6,03 | 6,29E-06 | 0,061 |
| S1_47599785 | N | C | T | C | C | T | T | C | T/C | 149/187 | 6,03 | 6,29E-06 | 0,061 |
| S1_47600003 | G | A | G | A | A | G | G | A | G/A | 228/208 | 5,27 | 7,23E-06 | 0,046 |
| S1_47705163 | T | T | C | T | T | C | C | T | C/T | 178/263 | 5,25 | 8,12E-06 | 0,046 |
| S1_47775156 | G | G | N | T | T | N | G | T | G/T | 196/174 | 5,62 | 9,35E-06 | 0,054 |
| S1_50288007 | G | G | G | A | G | N | N | N | G/A | 182/49 | 8,70 | 7,63E-06 | 0,083 |
| S1_50421412 | N | G | G | A | N | N | N | G | G/A | 284/46 | 8,28 | 1,28E-05 | 0,057 |
| S4_200030889 | G | G | C | G | N | G | G | N | G/C | 174/73 | 7,15 | 1,85E-05 | 0,072 |
| S6_128564797 | T | N | T | G | T | T | N | T | T/G | 237/27 | 10,16 | 2,11E-05 | 0,079 |
| S10_105878718 | A | A | N | G | A | N | N | N | A/G | 222/70 | 7,61 | 3,57E-06 | 0,072 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

Tabla 4.25 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, dos meses después de la floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S3_207022252 | N | G | N | G | N | N | G | G | A/G | 49/303 | 79,98 | 1,56E-05 | 0,054 |
| S6_162496073 | G | G | T | G | N | G | N | G | T/G | 25/302 | 103,79 | 2,34E-05 | 0,055 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma, respectivamente. ^b Alelos de los padres obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

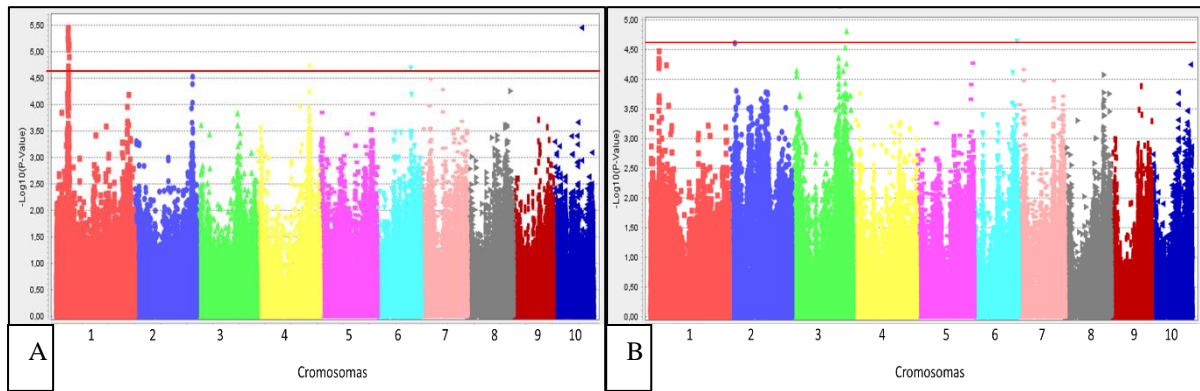


Gráfico 4.9 Resultados del GWAS para el carácter rendimiento cuántico máximo del fotosistema II en floración femenina (A) y dos meses después de la floración femenina (B), en la población multiparental EPS21. Cada punto representa los valores-p de los 224363 SNP probados en el análisis. Los puntos sobre la línea roja representan los SNP significativamente asociados con el carácter rendimiento cuántico máximo del fotosistema II para cada cromosoma del genoma de maíz.

4.2.8 Haplotipos del QTL para los SNP significativos asociados al máximo rendimiento cuántico del fotosistema II

Para el carácter rendimiento cuántico máximo del fotosistema II evaluado dos meses después de la floración femenina se identificó un SNP importante en el cromosoma 3 (S3_207022252) que correspondió a un bloque de ligamiento (QTL). El efecto aditivo teórico de este QTL fue de 85,5 y el haplotipo favorable estuvo presente en el 16% de las líneas evaluadas (Tabla 4.26; Gráfico 4.10).

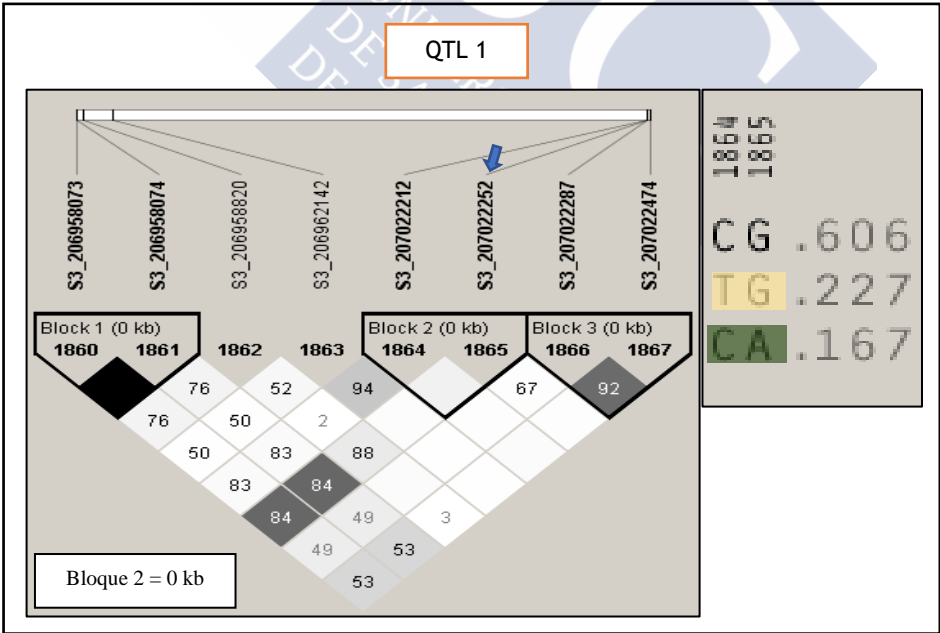


Gráfico 4.10 QTL identificados, SNP significativos (flechas azules), bloque y disequilibrio de ligamiento y haplotipos de los QTL para el carácter rendimiento cuántico máximo del fotosistema II dos meses después de la floración femenina. El disequilibrio de ligamiento fue medido como r^2 entre pares de SNP (color blanco corresponde a $r^2 = 0$; sombreados de gris = $0 < r^2 < 1$ y color negro $r^2 = 1$). Los haplotipos que incrementan el carácter están resaltados de color verde; mientras que los que disminuyen el carácter están resaltados de amarillo. Los alelos que no coinciden con el haplotipo total (que incrementa o disminuye el carácter) están subrayados con línea roja.

Tabla 4.26 Marcadores flanqueantes del bloque de ligamiento, efecto aditivo de los parentales, longitud del QTL, haplotipo que incrementa, haplotipo que disminuye, sumatorio del efecto aditivo real del haplotipo que incrementa el rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, sumatorio del efecto aditivo teórico para cada SNP o grupo de SNP significativamente asociados al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, dos meses después de la floración femenina, evaluado en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo | Marcadores flanqueantes | Efecto aditivo o rango del efecto aditivo en las líneas progenitoras | | | | | | | | TQTL | HF | HD | ΣEAT | ΣEAR | EAP |
|-------------------|--------------------------------|--|-------|----------|------|-------------|----------|------|-------|------|----|----|------|------|------|
| | | A509 | EP125 | EP17 | EP43 | EP53 | EP86 | F473 | PB130 | | | | | | |
| S3_207022252 | S3_207022212 - S3_207022252 | 171,1, 11,1 | 11,1 | 171,1, 0 | 0,0 | 171,1, 11,1 | 171,1, 0 | 11,1 | 11,1 | 0,04 | CA | TG | 85,5 | 49,5 | 49,5 |

TQTL = tamaño del QTL (Kpb); HF = haplotipo que incrementa el efecto aditivo si lleva esos alelos; HD = haplotipo que disminuye el efecto aditivo si lleva esos alelos; ΣEAT = sumatorio del efecto aditivo teórico, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento; ΣEAR = efecto aditivo real, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento y restados del promedio total de toda la población; EAP = efecto aditivo basado en el genotipo de los parentales.

4.2.9 Genes candidatos para el SNP significativo asociado al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II

Se identificaron cuatro genes candidatos adyacentes al SNP asociado al carácter rendimiento cuántico máximo del fotosistema II evaluado dos meses después de la floración femenina (Tabla 4.27).

Tabla 4.27 Cromosoma, marcadores flanqueantes, genes candidatos para el SNP asociado significativamente al rendimiento cuántico máximo del fotosistema II evaluado dos meses después de la floración femenina en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo (cromosoma) | Marcadores flanqueantes | Genes y posición en el genoma (B73 RefGen_v2) | Descripción en la base de datos TAIR |
|-------------------------------|-----------------------------|---|---|
| S3_207022252 (3) | S3_207022212 - S3_207022252 | Zm00001d043798 (S3_207013909-S3_207015353) | Serine/Threonine kinase family catalytic domain protein |
| | | Zm00001d043799 (S3_207022058-S3_207023791) | Serine/Threonine kinase family catalytic domain protein |
| | | Zm00001d043800 (S3_207029164-S3_207037370) | Serine/Threonine kinase family catalytic domain protein |
| | | Zm00001d043801 (S3_207037486-S3_207041394) | alpha/beta-Hydrolases superfamily protein |

4.2.10 SNP significativos asociados al aspecto visual de la planta

Se encontraron ocho SNP significativamente asociados al aspecto visual de la planta en la floración femenina, de ellos dos fueron localizados en el cromosoma 2, uno en el cromosoma 3, cuatro en el cromosoma 4 y uno en el cromosoma 8 (Tabla 4.28; Gráfico 4.11 A). Los alelos de mayor frecuencia en todos los cromosomas (a excepción del cromosoma 3), de cada uno de los SNP, incrementaron el carácter. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP varió de 0,051 a 0,077. Los efectos aditivos oscilaron entre 0,052 y 0,074 en valores de la escala 1-5 (Tabla 4.28).

En este mismo carácter evaluado dos meses después de la floración femenina se identificaron 27 SNP significativos asociados a dicho carácter, de los cuales 2 fueron localizados en el cromosoma 3, 22 en el cromosoma 6 y uno en los cromosomas 7, 9 y 10, respectivamente (Tabla 4.29; Gráfico 4.11 B). En este caso, todos los alelos de mayor frecuencia en todos los cromosomas disminuyeron el valor de la calificación del aspecto de la planta. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP fluctuó entre 0,048 y 0,088, mientras que los efectos aditivos oscilaron entre 0,16 y 0,26 en valores de la calificación del aspecto de la planta (Tabla 4.29).

Tabla 4.28 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al aspecto visual de la planta en floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S2_216600055 | N | T | N | T | T | N | C | N | T/C | 326/45 | 0,074 | 1,82E-05 | 0,051 |
| S2_216600070 | N | C | N | C | C | N | T | N | C/T | 326/45 | 0,074 | 1,82E-05 | 0,051 |
| S3_156634936 | A | A | A | A | A | G | N | A | G/A | 84/282 | 0,057 | 2,37E-05 | 0,046 |
| S4_230352112 | N | A | N | C | C | A | C | N | C/A | 168/88 | 0,062 | 1,28E-05 | 0,077 |
| S4_231255536 | G | G | C | N | N | N | C | C | C/G | 145/192 | 0,052 | 1,74E-05 | 0,053 |
| S4_231255539 | A | A | G | N | N | N | G | G | G/A | 146/191 | 0,052 | 1,65E-05 | 0,053 |
| S4_231255542 | G | G | A | N | N | N | A | A | A/G | 146/191 | 0,052 | 1,65E-05 | 0,053 |
| S8_71975885 | G | G | G | N | N | N | G | G | G/A | 200/75 | 0,069 | 3,67E-06 | 0,076 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo indica el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

Tabla 4.29 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación *p* y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al aspecto visual de la planta dos meses después de la floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- <i>p</i> ^e | R ² ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------------|
| S3_8974495 | C | C | N | C | N | T | N | C | T/C | 88/261 | 0,16 | 9,06E-06 | 0,055 |
| S3_9038739 | G | G | N | N | G | A | N | G | A/G | 63/172 | 0,20 | 5,67E-06 | 0,088 |
| S6_32458889 | G | G | G | G | C | N | G | G | C/G | 36/265 | 0,24 | 9,09E-06 | 0,066 |
| S6_32895791 | C | N | C | N | T | N | C | C | T/C | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895795 | G | N | G | N | C | N | G | G | C/G | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895804 | A | N | A | N | T | N | A | A | T/A | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895805 | A | N | A | N | G | N | A | A | G/A | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895806 | T | N | T | N | C | N | T | T | C/T | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895807 | A | N | A | N | C | N | A | A | C/A | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895812 | A | N | A | N | C | N | A | A | C/A | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895814 | A | N | A | N | G | N | A | A | G/A | 30/284 | 0,25 | 1,75E-05 | 0,056 |
| S6_32895817 | G | N | G | N | T | N | G | G | T/G | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895818 | A | N | A | N | G | N | A | A | G/A | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32895819 | A | N | A | N | C | N | A | A | C/A | 30/286 | 0,25 | 1,69E-05 | 0,057 |
| S6_32967880 | C | C | C | N | A | N | C | C | A/C | 32/292 | 0,24 | 1,53E-05 | 0,054 |
| S6_32967890 | C | C | C | N | T | N | C | C | T/C | 32/273 | 0,24 | 1,40E-05 | 0,057 |
| S6_32969296 | G | G | G | G | A | N | G | G | A/G | 37/323 | 0,22 | 2,16E-05 | 0,048 |
| S6_33178982 | G | N | G | N | A | G | G | G | A/G | 25/278 | 0,26 | 2,17E-05 | 0,059 |
| S6_33192007 | C | C | C | N | T | N | C | C | T/C | 34/207 | 0,23 | 2,32E-05 | 0,070 |
| S6_33434028 | A | A | A | A | G | N | A | A | G/A | 39/375 | 0,22 | 1,08E-05 | 0,046 |
| S6_33623678 | A | A | A | A | T | N | A | A | T/A | 31/261 | 0,25 | 1,26E-05 | 0,062 |
| S6_34123871 | C | C | C | C | T | C | N | C | T/C | 36/350 | 0,22 | 2,11E-05 | 0,048 |
| S6_34221026 | A | A | A | A | G | N | A | A | G/A | 32/373 | 0,25 | 3,60E-06 | 0,052 |
| S6_56810498 | A | A | N | A | G | A | G | N | G/A | 69/276 | 0,17 | 2,35E-05 | 0,051 |
| S7_127890381 | N | A | N | A | A | N | N | N | G/A | 20/227 | 0,31 | 5,54E-06 | 0,081 |
| S9_153511263 | N | G | G | G | N | N | A | G | A/G | 18/283 | 0,31 | 9,49E-06 | 0,064 |
| S10_2034863 | T | T | N | C | N | T | T | T | C/T | 43/269 | 0,21 | 1,46E-05 | 0,062 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo indica el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

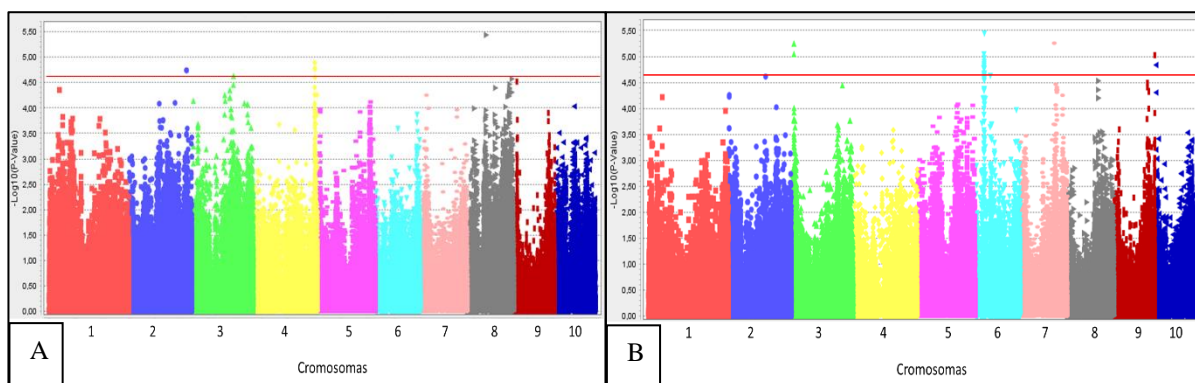


Gráfico 4.11 Resultados del GWAS para el carácter aspecto visual de la planta en floración femenina (A) y dos meses después de la floración femenina (B), en una población multiparental. Cada punto representa los valores- p de los 224363 SNP probados en el análisis. Los puntos sobre la línea roja representan los SNP significativamente asociados con el aspecto visual de la planta para cada cromosoma del genoma de maíz.

4.2.11 Haplotipos del QTL para los SNP significativos asociados al aspecto visual de la planta

Para el carácter aspecto de planta evaluado dos meses después de la floración se detectaron cuatro SNP importantes, de los cuales dos fueron localizados en el cromosoma 3 y uno en los cromosomas 6 y 10, respectivamente; los tres primeros SNP correspondieron a tres bloques de ligamiento, es decir se identificaron tres QTL; el cuarto QTL estuvo formado solamente por el SNP individual. El efecto aditivo teórico de los QTL osciló entre 0,2 y 1,4 (en valores de calificación de la escala 1-5). El haplotipo favorable de los tres primeros QTL estuvo presente en el 22,2, 22,4 y 52,4% de las líneas evaluadas (Tabla 4.30; Gráfico 4.12).

Tabla 4.30 Marcadores flanqueantes del bloque de ligamiento, efecto aditivo de los parentales, longitud del QTL, haplotipo que incrementa, haplotipo que disminuye, sumatorio del efecto aditivo real del haplotipo que incrementa el aspecto visual de la planta, sumatorio del efecto aditivo teórico para cada SNP o grupo de SNP significativamente asociados al aspecto visual de la planta dos meses después de la floración femenina, evaluado en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo | Marcadores flanqueantes | Efecto aditivo o rango del efecto aditivo en las líneas progenitoras | | | | | | | | TQTL | HF | HD | ΣEAT | ΣEAR | EAP |
|----------------------|------------------------------|--|------------|------------|------------|------------|----------|-----------|------------|------|---------------------------|---------------------------|------|------|-----|
| | | A509 | EP125 | EP17 | EP43 | EP53 | EP86 | F473 | PB130 | | | | | | |
| S3_8974495 | S3_8888862 - S3_8976187 | -0,8 | -0,1, -0,2 | 0,4, -0,2 | -0,1, -0,7 | -0,1, -0,6 | 0,5, 0,2 | 0,4, -0,7 | 0,2, -0,7 | 87 | TCGCTGG TAGGGTA CCC | GAGTCTA GCAATCA TCT | 1,4 | 0,8 | 0,1 |
| S3_9038739 | S3_9035419 - S3_9042531 | 0,04, 0,02 | -0,1 | 0,2, -0,1 | 0,1, -0,2 | -0,1, -0,2 | 0,6, 0,1 | 0,3, -0,1 | 0,4, -0,1 | 7 | GTTATCAC TGG | CGCGTTG TTGG | 0,9 | 0,7 | 0,3 |
| S6_56810498 | S6_56809291 - S6_57280494 | -0,4 | -0,3, -0,4 | -0,3, -0,4 | -0,4 | 0,3, 0,2 | -0,4 | 0,3, 0 | -0,1, -0,3 | 471 | GTAACAG GTGAGCT | CTAATGA CCAGATA | 0,7 | 0,2 | 0,0 |
| S10_2034863 | S10_2034863 | 0,0 | 0,0 | 0,2, 0 | 0,2 | 0,2, 0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0 | C | T | 0,2 | 0,2 | 0,2 |

TQTL = tamaño del QTL (Kpb); HF = haplotipo que incrementa el efecto aditivo si lleva esos alelos; HD = haplotipo que disminuye el efecto aditivo si lleva esos alelos; ΣEAT = sumatorio del efecto aditivo teórico, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento; ΣEAR = efecto aditivo real, que resulta de la suma de los efectos aditivos de todos los SNP significativos en el bloque de ligamiento y restados del promedio total de toda la población; EAP = efecto aditivo basado en el genotipo de los parentales.

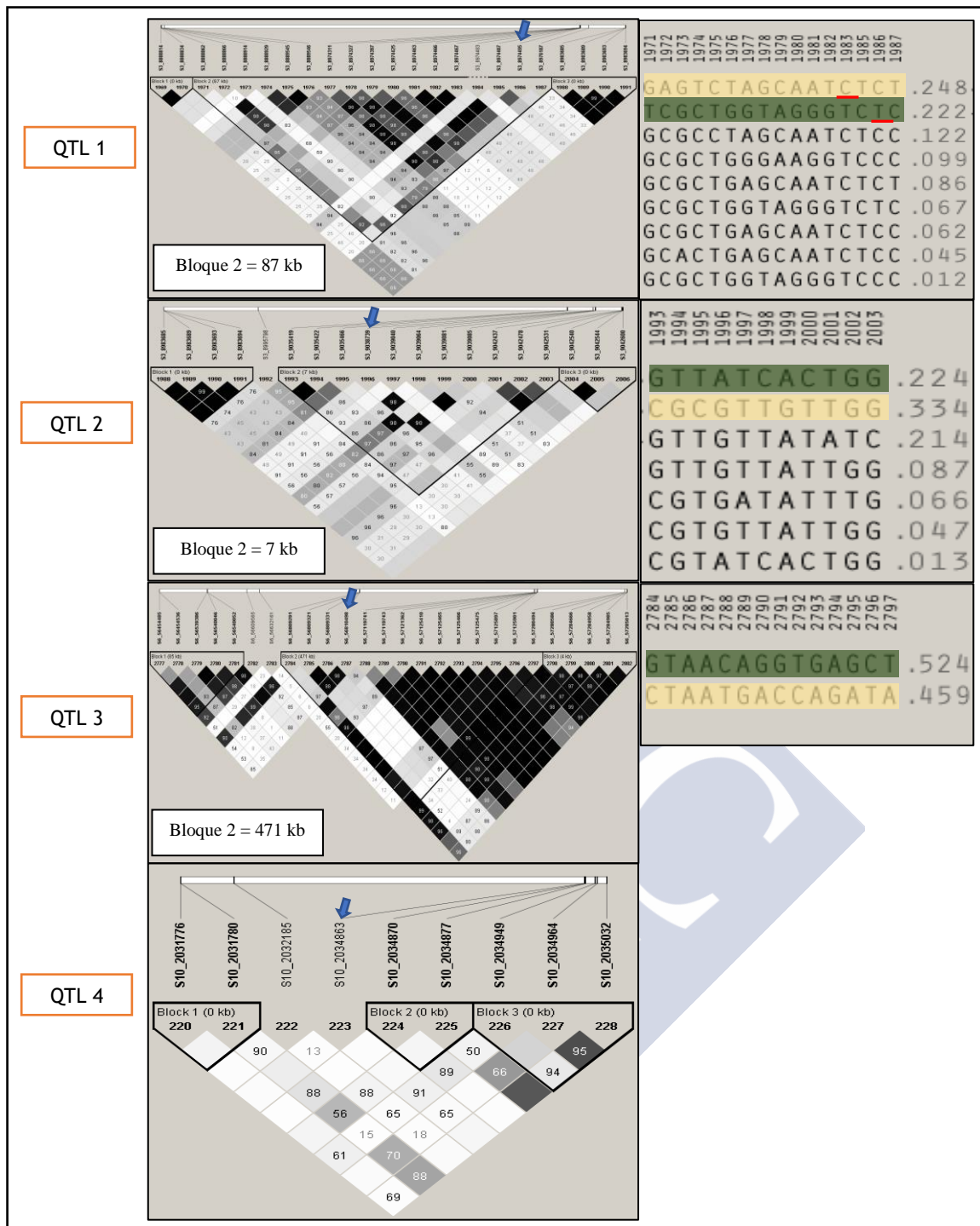


Gráfico 4.12 QTL identificados, SNP significativos (flechas azules), bloque y disequilibrio de ligamiento y haplotipos de los QTL para el carácter aspecto visual de la planta dos meses después de la floración femenina. El disequilibrio de ligamiento fue medido como r^2 entre pares de SNP (color blanco corresponde a $r^2 = 0$; sombreados de gris = $0 < r^2 < 1$ y color negro $r^2 = 1$). Los haplotipos que incrementan el carácter, están resaltados de color verde; mientras que los que disminuyen el carácter están resaltados de amarillo. Los alelos que no coinciden con el haplotipo total (que incrementa o disminuye el carácter) están subrayados con línea roja.

4.2.12 Genes candidatos por SNP significativamente importante asociado al aspecto de planta

Se encontraron diez genes candidatos adyacentes a los SNP asociados al aspecto de la planta dos meses después de la floración femenina que se detallan en la tabla 4.31.

Tabla 4.31 Cromosoma, marcadores flanqueantes, genes candidatos para los SNP asociados significativamente al aspecto de la planta dos meses después de la floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo (cromosoma) | Marcadores flanqueantes | Genes y posición en el genoma (B73 RefGen_v2) | Descripción en la base de datos TAIR |
|---------------------------------|--|---|--|
| S3_8974495 S3_9038739 (3) | S3_8888862 - S3_8976187 S3_9035419 - S3_9042531 | Zm00001d039566 (S3_8887555-S3_8888747) | (HSP17.6II) 17.6 kDa class II heat shock protein |
| | | Zm00001d039575 (S3_8980485-S3_8982638) | A single copy gene that encodes a protein with sequence similarity to tomato E8 (ACC oxidase, the last step in ethylene biosynthesis) involved in ethylene synthesis and fruit ripening in tomato. This gene is not induced by ethylene in siliques. The transcript is found in siliques, etiolated seedlings, leaves, stems and flowers. |
| | | Zm00001d039578 (S3_9037860-S3_9042655) | histidyl-tRNA synthetase |
| | | Zm00001d039579 (S3_9045175-S3_9047443) | phd34 - PHD-transcription factor 34, RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein |
| | | Zm00001d039581 (S3_9072834-S3_9073771) | ca5p15 - CCAAT-HAP5-transcription factor 515, nuclear factor Y, subunit C13 |
| S6_56810498 (6) | S6_56809291 - S6_57280494 | GRMZM2G306677 (S6_56815895-S6_56820763) | A member of ARF GAP domain (AGD), A thaliana has 15 members, grouped into four classes. |
| | | Zm00001d035907 (S6_56969090-S6_56972316) | Homeodomain protein required for ovule identity. Loss of function mutations show homeotic conversion of integuments to carpels. Forms heterodimers with STM and KNAT1. Interacts with AG-SEP heterodimers is thought to restrict WUS expression. BEL interacts with MADS box dimers composed of SEP1(or SEP3) and AG, SHP1, SHP2 and STK. The interaction of BEL1 with AG-SEP3 is required for proper integument development and specification of integument identity. |
| S10_2034863 (10) | S10_2034863 | Zm00001d023261 (S10_2008922-S10_2010657) | Nucleotide-sugar transporter family protein |
| | | Zm00001d023262 (S10_2011814-S10_2017183) | brk3 - brick3, (GRL, NAP1, NAPP) transcription activators |
| | | Zm00001d023263 (S10_2039154-S10_2041723) | glutamine-fructose-6-phosphate transaminase that likely plays a role in UDP-N-acetylglucosamine biosynthesis. |

4.2.13 SNP significativos asociados a la disminución diaria del índice de clorofila

Se identificaron 26 SNP significativamente asociados a la disminución diaria del índice de clorofila, de ellos ocho fueron localizados en el cromosoma 1, cuatro en el 4, uno en el 6, ocho en el 7, dos en el 8 y tres en el 10 (Tabla 4.32; Gráfico 4.13 A). Diez de los 26 SNP presentaron alelos de mayor frecuencia en los diferentes cromosomas que favorecieron la disminución diaria del índice de clorofila, mientras que los 16 SNP restantes retardaron dicha disminución del carácter. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP osciló desde 0,042 hasta 0,078. Los efectos aditivos variaron entre 0,40 y 0,63 (Tabla 4.32).

Tabla 4.32 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación p y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado a la disminución diaria del índice de clorofila evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- p ^e | R^2 ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|-------------------------|--------------------|
| S1_11992932 | G | G | A | A | A | G | G | G | G/A | 343/95 | 0,049 | 1,30E-05 | 0,044 |
| S1_14033579 | G | G | G | A | G | G | A | G | G/A | 302/119 | 0,049 | 2,34E-06 | 0,053 |
| S1_14166111 | G | C | C | G | C | C | G | C | C/G | 192/234 | 0,040 | 1,61E-05 | 0,044 |
| S1_16783629 | C | C | C | T | C | C | T | C | C/T | 327/117 | 0,046 | 8,11E-06 | 0,047 |
| S1_16783659 | G | G | G | A | G | G | A | G | G/A | 327/117 | 0,046 | 8,11E-06 | 0,047 |
| S1_17669819 | T | N | N | T | T | G | T | T | G/T | 118/194 | 0,051 | 7,34E-06 | 0,061 |
| S1_17669835 | C | N | N | C | C | A | C | C | A/C | 117/194 | 0,052 | 5,34E-06 | 0,063 |
| S1_164639070 | A | A | A | A | A | A | T | A | T/A | 89/292 | 0,052 | 1,94E-05 | 0,049 |
| S4_170805517 | N | G | A | G | N | N | N | N | G/A | 171/94 | 0,052 | 2,02E-05 | 0,071 |
| S4_170805550 | N | A | G | A | N | N | N | N | A/G | 176/90 | 0,053 | 1,63E-05 | 0,072 |
| S4_203646358 | N | G | G | A | N | A | N | G | A/G | 102/158 | 0,053 | 1,71E-05 | 0,078 |
| S4_216657677 | N | N | T | T | N | T | C | C | T/C | 147/177 | 0,047 | 1,40E-05 | 0,059 |
| S6_163977267 | G | G | G | G | G | N | A | A | A/G | 150/134 | 0,049 | 1,63E-05 | 0,062 |
| S7_130081844 | A | A | A | G | A | G | N | A | G/A | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081845 | A | A | A | G | A | G | N | A | G/A | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081846 | A | A | A | C | A | C | N | A | C/A | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081847 | A | A | A | C | A | C | N | A | C/A | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081848 | A | A | A | T | A | T | N | A | T/A | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081849 | A | A | A | C | A | C | N | A | C/A | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081851 | C | C | C | T | C | T | N | C | T/C | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S7_130081859 | C | C | C | T | C | T | N | C | T/C | 167/205 | 0,043 | 1,71E-05 | 0,050 |
| S8_154733091 | T | N | T | C | N | N | T | T | T/C | 241/63 | 0,063 | 6,66E-06 | 0,066 |
| S8_154733107 | G | N | G | A | N | N | G | G | G/A | 241/63 | 0,063 | 7,38E-06 | 0,065 |
| S10_132035731 | C | T | N | C | N | T | T | C | T/C | 100/201 | 0,050 | 2,34E-05 | 0,060 |
| S10_135801457 | C | G | C | G | C | G | G | C | G/C | 104/291 | 0,049 | 8,98E-06 | 0,053 |
| S10_146644328 | C | C | C | T | C | C | C | C | C/T | 313/128 | 0,042 | 1,99E-05 | 0,042 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los parentales obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

4.2.14 SNP significativos asociados a la disminución diaria de la fluorescencia clorofílica mínima

Se identificaron 21 SNP significativamente asociados a la disminución diaria de la fluorescencia clorofílica mínima, de los cuales 20 fueron localizados en el cromosoma 3 y uno en el cromosoma 5 (Tabla 4.33; Gráfico 4.13 B). La mayoría de SNP con alelos de mayor frecuencia en los dos cromosomas retardaron la disminución diaria de la fluorescencia clorofílica mínima. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP osciló desde 0,047 a 0,077. Los efectos aditivos fluctuaron entre 0,13 y 0,24 (Tabla 4.33).

Tabla 4.33 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación p y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado a la disminución diaria de la fluorescencia clorofílica evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- p ^e | R^2 ^f |
|-----------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|--------------------------------|-------------------------|--------------------|
| S3_164978166 | G | C | N | C | C | N | C | N | C/G | 150/119 | 0,15 | 9,03E-06 | 0,077 |
| S3_200700872 | A | A | N | A | A | C | A | A | C/A | 52/356 | 0,18 | 1,15E-05 | 0,047 |
| S3_200877582 | G | G | N | G | G | A | N | G | A/G | 45/281 | 0,19 | 1,54E-05 | 0,057 |
| S3_201049765 | A | A | N | A | N | G | A | A | G/A | 44/321 | 0,19 | 1,94E-05 | 0,050 |
| S3_201049777 | A | A | N | A | N | G | A | A | G/A | 44/321 | 0,19 | 1,94E-05 | 0,050 |
| S3_201049786 | A | A | N | A | N | G | A | A | G/A | 44/321 | 0,19 | 1,94E-05 | 0,050 |
| S3_201538092 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 120/281 | 0,13 | 7,83E-06 | 0,050 |
| S3_201538103 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 124/260 | 0,14 | 1,70E-06 | 0,060 |
| S3_201538104 | C | C | T | T | C | T | C | C | T/C | 120/281 | 0,13 | 7,83E-06 | 0,050 |
| S3_201538113 | A | A | G | G | A | G | A | A | G/A | 120/281 | 0,13 | 7,83E-06 | 0,050 |
| S3_201538222 | G | G | N | N | G | G | G | G | T/G | 77/275 | 0,17 | 1,36E-06 | 0,066 |
| S3_206319665 | T | T | N | T | N | C | T | N | C/T | 45/246 | 0,19 | 9,92E-06 | 0,070 |
| S3_207022252 | N | G | N | G | N | N | G | G | A/G | 49/303 | 0,19 | 3,43E-06 | 0,064 |
| S3_208613140 | C | C | C | C | T | C | N | N | T/C | 36/285 | 0,20 | 1,67E-05 | 0,054 |
| S3_208904821 | C | N | N | C | N | G | N | C | G/C | 26/223 | 0,24 | 1,28E-05 | 0,076 |
| S3_208904825 | A | N | N | A | N | G | N | A | G/A | 26/219 | 0,24 | 1,41E-05 | 0,076 |
| S3_208904958 | G | G | N | G | G | A | G | G | A/G | 33/349 | 0,22 | 8,87E-06 | 0,053 |
| S3_208904976 | C | C | N | C | C | T | C | C | T/C | 33/349 | 0,22 | 8,87E-06 | 0,053 |
| S3_209724807 | N | T | N | T | C | N | T | T | C/T | 47/228 | 0,18 | 2,37E-05 | 0,070 |
| S3_223086559 | A | A | N | A | N | G | N | A | G/A | 18/247 | 0,28 | 1,00E-05 | 0,073 |
| S5_212693257 | T | T | T | T | T | A | N | N | T/A | 269/27 | 0,25 | 3,27E-06 | 0,074 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

4.2.15 SNP significativos asociados a la disminución diaria del rendimiento cuántico máximo del fotosistema II

Se detectaron tres SNP significativamente asociados a la disminución diaria del rendimiento cuántico máximo del fotosistema II, de ellos uno fue localizado en el cromosoma 1 y dos en el cromosoma 3 (Tabla 4.34; Gráfico 4.13 C). En el cromosoma 1 el SNP con el alelo de mayor frecuencia favoreció la disminución de dicho carácter; mientras que en el cromosoma 3 los alelos de mayor frecuencia de los dos SNP identificados retardaron la disminución diaria del máximo rendimiento del fotosistema II. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP fluctuó desde 0,053 hasta 0,077. Los efectos aditivos oscilaron entre 1,30 y 1,88 (Tabla 4.34).

Tabla 4.34 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación p y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado a la disminución diaria del rendimiento cuántico máximo del fotosistema II evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- p ^e | R ² ^f |
|--------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|-----------------------------|-------------------------|-----------------------------|
| S1_60808272 | G | G | N | N | G | G | G | G | G/T | 197/32 | 1,88 | 2,18E-05 | 0,077 |
| S3_201538222 | G | G | N | N | G | G | G | G | T/G | 77/275 | 1,30 | 1,54E-05 | 0,053 |
| S3_207022252 | N | G | N | G | N | N | G | G | A/G | 49/303 | 1,51 | 1,77E-05 | 0,054 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo indica el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

4.2.16 SNP significativos asociados a la disminución diaria del aspecto visual de la planta

Se identificaron 7 SNP significativamente asociados a la disminución diaria del aspecto visual de la planta distribuidos en los cromosomas 1, 2, 3, 7, 9 y 10 (Tabla 4.35; Gráfico 4.13 D). Todos los SNP con alelos de mayor frecuencia en todos los cromosomas retardaron la disminución diaria del aspecto visual de la planta. La proporción de la varianza fenotípica (R^2) explicada por cada SNP varió desde 0,062 a 0,103. Los efectos aditivos fluctuaron entre 0,003 y 0,005 (Tabla 4.35).

Tabla 4.35 Variantes alélicas, efecto aditivo, valores de significación p y proporción de la varianza fenotípica explicada por cada SNP significativamente asociado al aspecto visual de la planta en floración femenina evaluados en la población multiparental EPS21.

| SNP significativo ^a | A509 ^b | EP125 ^b | EP17 ^b | EP43 ^b | EP53 ^b | EP86 ^b | F473 ^b | PB130 ^b | Alelos ^b | No ^c | Efecto aditivo ^d | Valor- p ^e | R ² ^f |
|--------------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|---------------------|-----------------|-----------------------------|-------------------------|-----------------------------|
| S1_52083072 | C | C | N | C | C | C | N | C | A/C | 38/292 | 0,004 | 4,81E-06 | 0,062 |
| S2_179451171 | N | N | N | N | N | T | N | N | T/C | 49/190 | 0,004 | 1,37E-05 | 0,069 |
| S3_8974495 | C | C | N | C | N | T | N | C | T/C | 88/261 | 0,003 | 2,97E-06 | 0,064 |
| S3_9038739 | G | G | N | N | G | A | N | G | A/G | 63/172 | 0,004 | 1,33E-06 | 0,103 |
| S7_127890381 | N | A | N | A | A | N | N | N | G/A | 20/227 | 0,005 | 1,35E-05 | 0,078 |
| S9_153511263 | N | G | G | G | N | N | A | G | A/G | 18/283 | 0,005 | 1,23E-05 | 0,062 |
| S10_2034863 | T | T | N | C | N | T | T | T | C/T | 43/269 | 0,004 | 6,91E-06 | 0,066 |

^a El número que antecede y precede al guion bajo, indican el número del cromosoma y la posición física del SNP (pb) dentro del cromosoma. ^b Alelos de los padres, obtenidos de las bases de datos originales del genotipado. ^c Número de líneas homocigotas para una variante determinada. El alelo antes de la diagonal aumenta el efecto del carácter mientras que el alelo después de la diagonal disminuye el carácter. ^d El efecto aditivo fue calculado como la mitad de la diferencia entre la media de los homocigotos para el alelo que aumenta el carácter y la media del homocigoto que disminuye el carácter. ^e Valores de significación de los SNP. ^f Proporción de la varianza fenotípica explicada por el SNP.

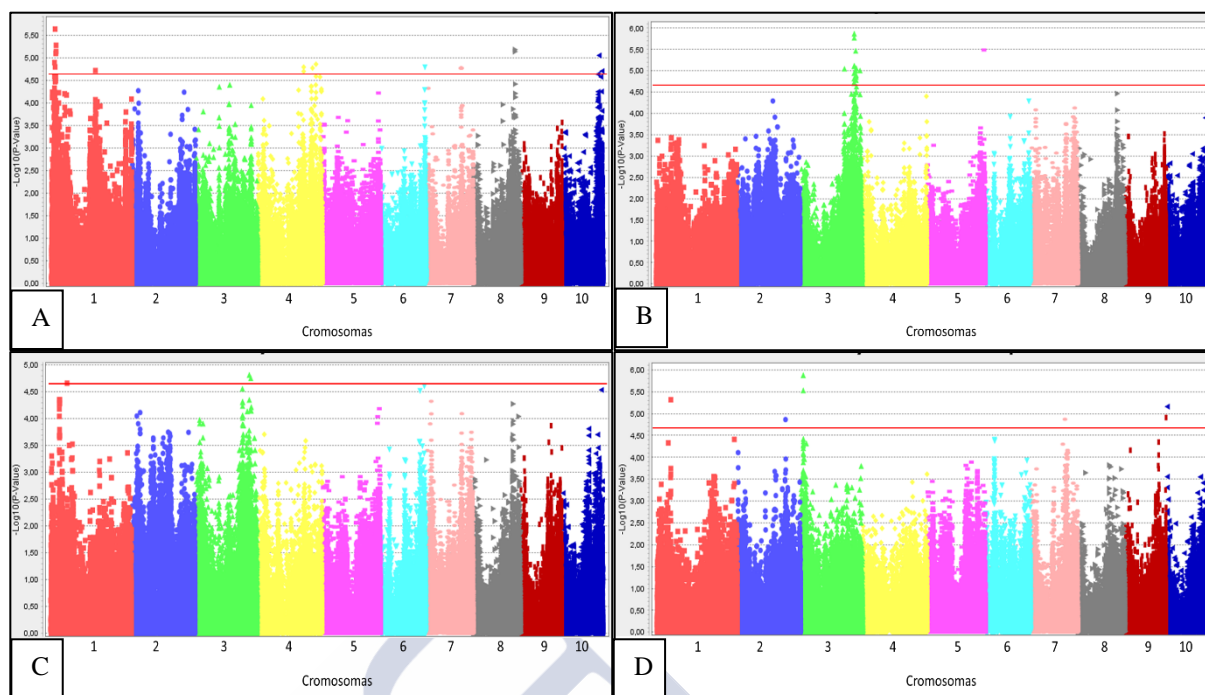


Gráfico 4.13 Resultados del GWAS para los caracteres disminución diaria del índice de clorofila (A), de la fluorescencia clorofílica mínima (B), del rendimiento cuántico máximo del fotosistema II (C) y del aspecto visual de la planta (D), en una población multiparental. Cada punto representa los valores- p de los 224363 SNP probados en el análisis. Los puntos sobre la línea roja representan los SNP significativamente asociados con los caracteres mencionados para cada cromosoma del genoma de maíz.

4.3 ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DE LÍNEAS PURAS DE MAÍZ DURANTE LA SENESCENCIA

El objetivo del presente estudio fue profundizar en los mecanismos genéticos y fisiológicos relacionados con la senescencia del maíz. Para ello se empleó la tecnología RNA-Seq con la que se examinaron los perfiles de expresión génica en siete momentos durante la senescencia natural, desde la floración femenina y cada 15 días después de la misma, utilizando siete líneas puras de maíz templado. Además, se compararon los datos fenotípicos y fisiológicos con los perfiles de expresión para determinar la relación de sus tendencias.

4.3.1 Evaluación fenotípica de la senescencia

Las medidas del índice de clorofila, fluorescencia clorofílica mínima y tasa fotosintética de la planta han sido utilizadas para identificar genotipos con senescencia retrasada o SG. En el presente estudio, utilizamos estos rasgos para determinar el comportamiento de siete líneas puras de maíz durante la etapa de senescencia. Las líneas de senescencia temprana (ES) así como las líneas de senescencia media (MS) y tardía (LS) mostraron un patrón de senescencia similar, diferenciándose solamente por el momento en el que tenía lugar este proceso (Gráfico 4.14).

Los promedios del índice de clorofila y de la tasa fotosintética se redujeron gradualmente desde los 15 días después de la floración femenina (ddff) en todas las líneas. La reducción fue más drástica en ambos caracteres a los 30 días antes de la senescencia (DAS), momento en el que presentaron valores de cero, excepto la línea PHW79 que aún a los 90 DAS mostró valores cercanos a 40 para el índice de clorofila y $5 \mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ para la tasa fotosintética (Tabla

4.36; Gráfico 4.15 A y B). Los valores más altos de fotosíntesis fueron observados a los 15 DAS en todas las líneas.

Por otro lado, la fluorescencia clorofílica mínima fue similar hasta los 45 y 60 ddff en las líneas ES y MS, respectivamente. A partir de estos momentos, el rendimiento cuántico máximo del fotosistema II (F_v/F_m) sufrió una disminución considerable, llegando a cero a los 60 y 90 ddff, a excepción de la línea PHW79 que mostró un valor entre 0,600-0,700 a los 90 ddff (Tabla 4.36; Gráfico 4.15 C).

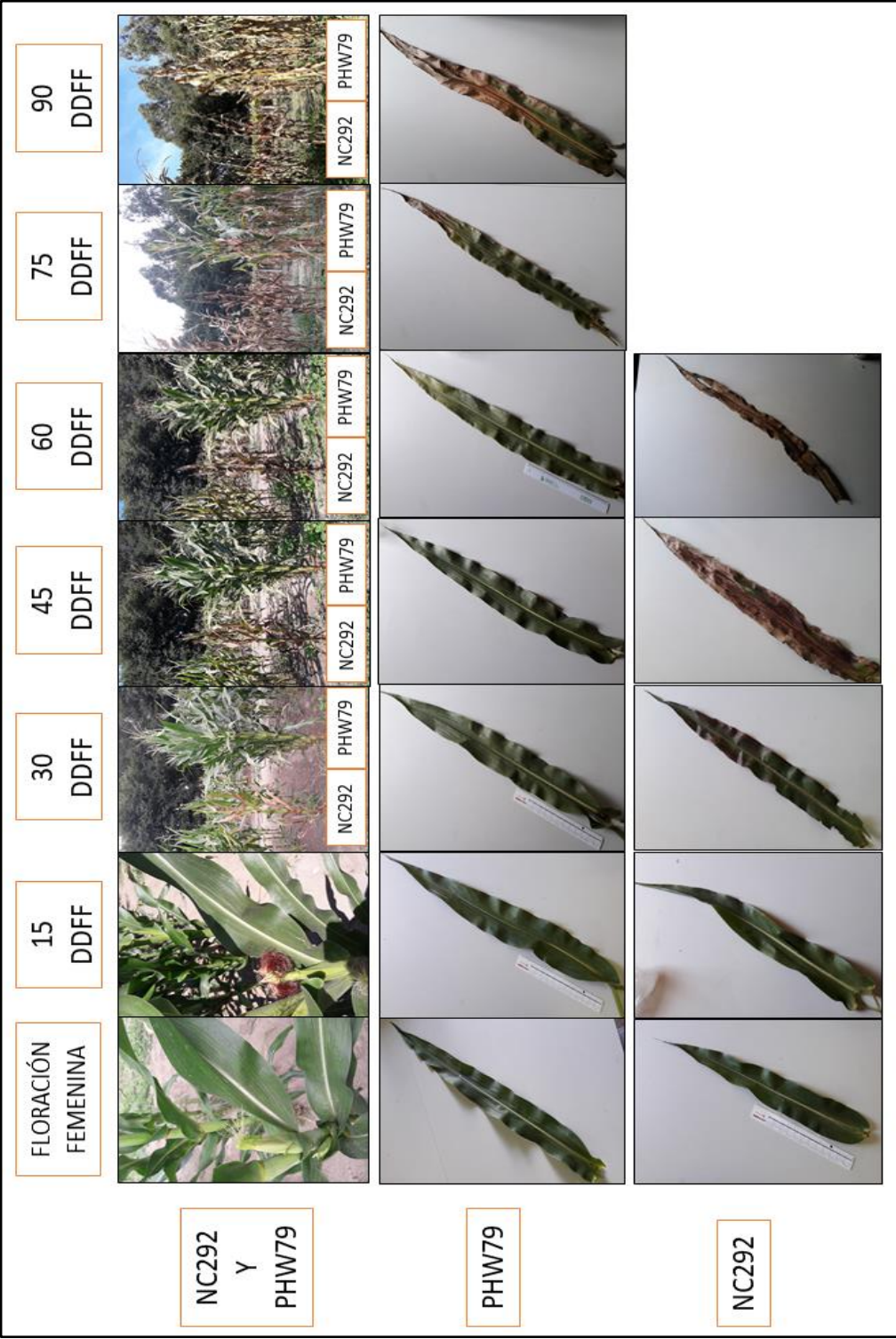


Gráfico 4.14 Progreso de la senescencia observada en las líneas puras de maíz NC292 (senescencia precoz) y PHW79 (senescencia tardía), desde la floración femenina hasta la muerte de las plantas. DFF= Días después de la floración

Tabla 4.36 Medias y desviación estándar de tres caracteres fenotípicos evaluados durante la etapa de la senescencia en siete líneas puras de maíz templado.

| Líneas | Índice de clorofila | | | | | | |
|--------|---------------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| | FF | 15 ddff | 30 ddff | 45 ddff | 60 ddff | 75 ddff | 90 ddff |
| NC292 | 52,4 ± 3,0 | 50,1 ± 6,2 | 27,4 ± 4,6 | 24,4 ± 2,8 | | | |
| PHBB3 | 59,8 ± 3,0 | 49,4 ± 6,2 | 39,5 ± 4,6 | 33,2 ± 2,8 | | | |
| PHT10 | 63,9 ± 3,0 | 63,2 ± 6,2 | 56,3 ± 4,6 | 47,0 ± 2,8 | 22,8 ± 3,3 | | |
| PHW52 | 65,7 ± 3,0 | 62,7 ± 6,2 | 44,7 ± 4,6 | 33,9 ± 2,8 | 31,8 ± 3,3 | 5,9 ± 2,8 | |
| PHHB9 | 73,5 ± 3,0 | 66,7 ± 6,2 | 63,6 ± 4,6 | 57,2 ± 2,8 | 52,6 ± 3,3 | 15,4 ± 2,8 | |
| PA8637 | 53,7 ± 3,0 | 56,6 ± 6,2 | 45,0 ± 4,6 | 42,7 ± 2,8 | 29,7 ± 3,3 | 14,6 ± 2,8 | |
| PHW79 | 69,3 ± 3,0 | 64,7 ± 6,2 | 68,6 ± 4,6 | 61,8 ± 2,8 | 58,7 ± 3,3 | 43,0 ± 2,8 | 36,5 ± 0,7 |

| Líneas | Rendimiento máximo del fotosistema II | | | | | | |
|--------|---------------------------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| | FF | 15 ddff | 30 ddff | 45 ddff | 60 ddff | 75 ddff | 90 ddff |
| NC292 | 0,740 ± 0,006 | 0,706 ± 0,011 | 0,687 ± 0,012 | 0,646 ± 0,008 | 0,015 ± 0,023 | | |
| PHBB3 | 0,752 ± 0,006 | 0,750 ± 0,011 | 0,732 ± 0,012 | 0,681 ± 0,008 | 0,015 ± 0,023 | | |
| PHT10 | 0,762 ± 0,006 | 0,755 ± 0,011 | 0,746 ± 0,012 | 0,670 ± 0,008 | 0,443 ± 0,023 | 0,015 ± 0,166 | |
| PHW52 | 0,771 ± 0,006 | 0,805 ± 0,011 | 0,765 ± 0,012 | 0,740 ± 0,008 | 0,718 ± 0,023 | 0,346 ± 0,166 | 0,015 ± 0,014 |
| PHHB9 | 0,780 ± 0,006 | 0,785 ± 0,011 | 0,777 ± 0,012 | 0,765 ± 0,008 | 0,750 ± 0,023 | 0,366 ± 0,166 | 0,015 ± 0,014 |
| PA8637 | 0,762 ± 0,006 | 0,742 ± 0,011 | 0,737 ± 0,012 | 0,686 ± 0,008 | 0,684 ± 0,023 | 0,433 ± 0,166 | 0,015 ± 0,014 |
| PHW79 | 0,779 ± 0,006 | 0,803 ± 0,011 | 0,770 ± 0,012 | 0,760 ± 0,008 | 0,752 ± 0,023 | 0,728 ± 0,166 | 0,658 ± 0,014 |

| Líneas | Tasa fotosintética ($\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) | | | | | | |
|--------|---|------------|------------|------------|------------|-----------|-----------|
| | FF | 15 ddff | 30 ddff | 45 ddff | 60 ddff | 75 ddff | 90 ddff |
| NC292 | 18,7 ± 1,1 | 17,6 ± 1,9 | 13,0 ± 1,2 | 4,8 ± 1,4 | | | |
| PHBB3 | 23,3 ± 1,1 | 26,3 ± 1,9 | 14,1 ± 1,2 | 5,1 ± 1,4 | | | |
| PHT10 | 21,2 ± 1,1 | 22,0 ± 1,9 | 18,6 ± 1,2 | 12,5 ± 1,4 | 5,6 ± 1,8 | | |
| PHW52 | 24,3 ± 1,1 | 24,4 ± 1,9 | 19,5 ± 1,2 | 14,9 ± 1,4 | 14,8 ± 1,8 | | |
| PHHB9 | 22,6 ± 1,1 | 19,6 ± 1,9 | 19,1 ± 1,2 | 17,3 ± 1,4 | 11,4 ± 1,8 | 0,2 ± 2,1 | |
| PA8637 | 16,9 ± 1,1 | 17,6 ± 1,9 | 16,2 ± 1,2 | 12,7 ± 1,4 | 9,4 ± 1,8 | 1,4 ± 2,1 | |
| PHW79 | 19,9 ± 1,1 | 19,8 ± 1,9 | 18,7 ± 1,2 | 15,2 ± 1,4 | 18,8 ± 1,8 | 8,8 ± 2,1 | 5,5 ± 0,7 |

FF= floración femenina, ddff= días después de la floración femenina

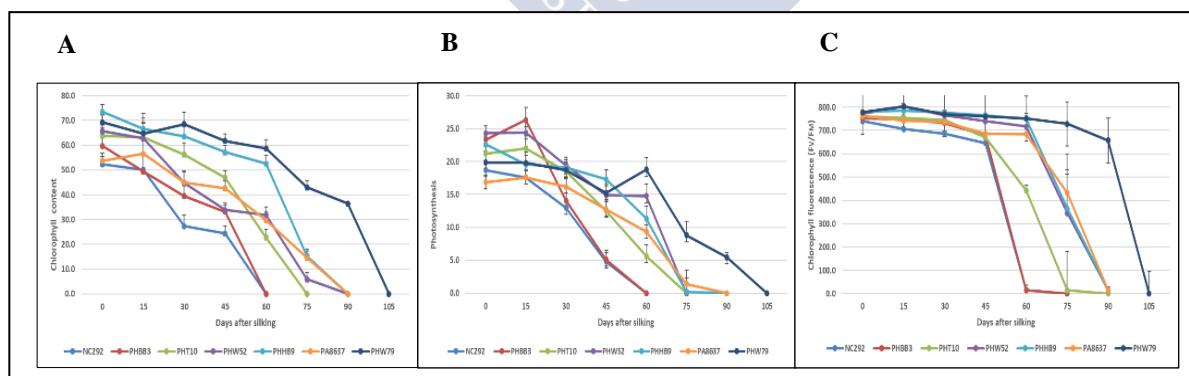


Gráfico 4.15 Senescencia basada en caracteres fenotípicos de siete líneas puras de maíz templado. Decrecimiento promedio durante la etapa de senescencia del contenido de clorofila (A), de la tasa fotosintética (B) y del rendimiento cuántico máximo del fotosistema II (C).

4.3.2 Identificación de genes diferencialmente expresados (GDEs) sobre múltiples puntos de tiempo

El número total de genes contados por línea desde la floración femenina hasta la senescencia varió de 31158 a 44474. Como se explicó anteriormente, los GDEs con respecto a la floración son aquellos que fueron estadísticamente significativos (fold change ≥ 2 o $\leq 0,5$, *up* o *down*, respectivamente); bajo este contexto, se encontraron en cada línea entre 5397 a 9290 GDEs, observándose un promedio general de 7430 (Tabla 4.37). Entre el 52 y el 59% de los genes mostraron expresión sobre regulada (del inglés *up regulated*), mientras que entre el 40 a 47% fueron sub regulados (del inglés *down regulated*) y de 0,5 a 1,7% presentaron expresión variable (es decir, *up o down regulated* en diferentes momentos) en todas las líneas. Los genes variables dentro de las líneas se descartaron para los análisis posteriores.

Tabla 4.37 Número total de genes por línea y porcentaje de expresión de los genes diferencialmente expresados (GDEs) respecto a la floración femenina en siete líneas puras de maíz templado.

| Líneas | GDEs | | | |
|--------|-------|----------------|------------------|-------------|
| | Total | % Up-regulated | % Down-regulated | % variables |
| NC292 | 7620 | 53 | 46 | 0,8 |
| PHBB3 | 7929 | 59 | 40 | 1,7 |
| PHT10 | 5397 | 56 | 44 | 0,5 |
| PHW52 | 9290 | 55 | 43 | 1,7 |
| PHHB9 | 8552 | 55 | 45 | 0,5 |
| PA8637 | 6062 | 52 | 47 | 1,6 |
| PHW79 | 7160 | 54 | 45 | 0,8 |
| Media | 7430 | | | |

Para determinar los GDEs comunes entre líneas se introdujeron todos los datos de cada línea en un único archivo de datos. Un total de 14190 genes se expresaron en al menos una línea durante el proceso de senescencia, incluyendo 7411 y 6779 genes *up* y *down regulated*, respectivamente. De estos genes, 1671 se expresaron en común en todas las líneas evaluadas (siete líneas), incluyendo solamente 1083 genes *up regulated* y 588 genes *down regulated* (Tabla 4.38).

Tabla 4.38 GDEs comunes *up* y *down regulated* identificados entre todas las líneas evaluadas

| Número de líneas puras de maíz | GDEs Comunes | |
|--------------------------------|--------------|----------------|
| | Up-regulated | Down-regulated |
| Siete | 1083 | 588 |
| Seis | 729 | 508 |
| Cinco | 689 | 496 |
| Cuatro | 666 | 664 |
| Tres | 874 | 873 |
| Dos | 1057 | 1175 |
| Una | 2313 | 2475 |
| Total | 7411 | 6779 |

En general, se observó que en las líneas MS y LS aumentó el número de GDEs, tanto *up* como *down*, desde los 30 ddff. Por el contrario, en las líneas ES el incremento se produjo a partir de los 15 ddff. El mayor aumento de los GDEs en todos los casos ocurrió entre 45 y 60 ddff (Gráfico 4.16).

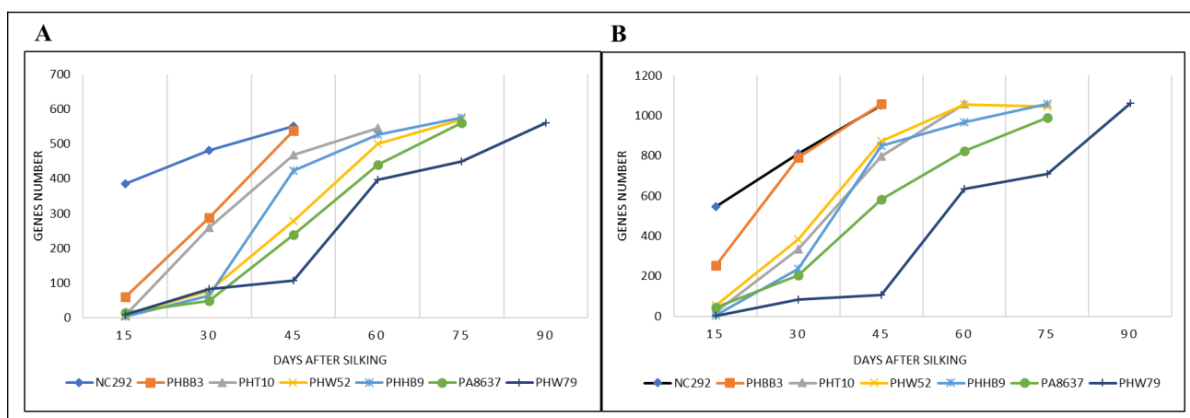


Gráfico 4.16 Número de GDEs en cada punto de tiempo durante la etapa de la senescencia, identificados en siete líneas puras de maíz templado. Genes *down regulated* (A), genes *up regulated* (B).

Al clasificar los GDEs, utilizando como criterio las variables ordenadas y expresadas en tiempo con respecto a la senescencia, se detectaron un total de 236 y 123 genes consistentes *up* y *down* entre líneas (Tabla A-I, A-II). El mayor número de genes fue observado a los 45 días antes de la senescencia (DBS), con 108 y 82 genes *up* y *down* regulated, respectivamente (Tabla 4.39).

Tabla 4.39 GDEs consistentes *up* y *down regulated* identificados entre todas las líneas evaluadas y clasificadas de acuerdo al tiempo con respecto al momento de senescencia.

| Días antes de la senescencia (DBS) | GDEs consistentes | |
|------------------------------------|-------------------|----------------|
| | Up-regulated | Down-regulated |
| senescencia | 0 | 0 |
| 15 | 32 | 17 |
| 30 | 17 | 8 |
| 45 | 108 | 82 |
| 60 | 76 | 14 |
| 75 | 3 | 2 |
| Total | 236 | 123 |

Por otro lado, al realizar el análisis de rutas dinámicas aplicando el programa EBSeq-HMM se identificaron 220 y 141 genes consistentes *up* y *down* que mostraron una probabilidad $> 0,5$ de presentar un perfil *up-up-up* o *down-down-down* en cinco o más líneas (Tabla 4.40, A-III, A-IV). En este estudio, nos centramos en el análisis de los 1671 genes comunes (1083 *up* y 588 *down regulated*), así como en los 359 genes denominados consistentes (236 *up* y 123 *down regulated*).

Tabla 4.40 Número de genes consistentes por línea y entre líneas (por lo menos en 5 líneas) en función de sus perfiles de expresión.

| Líneas puras | Perfiles de expresión | |
|--|-----------------------|----------------|
| | Up-Up-Up | Down-Down-Down |
| NC292 | 325 | 172 |
| PHBB3 | 411 | 140 |
| PHT10 | 708 | 387 |
| PHW52 | 645 | 455 |
| PHHB9 | 651 | 398 |
| PA8637 | 171 | 211 |
| PHW79 | 368 | 256 |
| Genes consistentes (en cinco o más líneas) | 220 | 141 |

4.3.3 Ontología de genes y análisis de enriquecimiento de rutas

La ontología genética (GO) define las clases utilizadas para describir la función del gen y clasifica estas funciones en tres categorías: proceso biológico, función molecular y componente celular.

Inicialmente, se realizó un análisis GO de los GDEs comunes (*up* y *down regulated*) (Gráfico 4.17) utilizando la plataforma BGI WEGO (Ye *et al.*, 2006). En la plataforma PlantRegMap se detectaron 353 y 210 términos de GO a partir de 588 y 1083 GDEs comunes *down* y *up* (Tabla 4.41, 4.42, A-V, A-VI). Los genes *down* se asociaron principalmente con la fotosíntesis, mientras que los genes *up* se asociaron directamente con procesos catalíticos y metabólicos. En el análisis GO (plataforma BGI WEGO) utilizando los 588 GDEs comunes *down regulated* se identificaron en total 29 términos GO en tres ontologías, de los cuales 9, 3 y 17 correspondieron a componentes celulares, funciones moleculares y procesos biológicos, respectivamente (Gráfico 4.17). En el caso de los GDEs comunes *up regulated* (1083 genes), se encontraron 31 términos GO, de estos 7, 5 y 19 correspondieron a componentes celulares, funciones moleculares y procesos biológicos, respectivamente (Gráfico 4.17). Las diferencias observadas entre los genes *down* y *up* radican en que los genes *down* actúan en procesos de envoltura, captación de la luz en la membrana, transporte de sustancias y en el sistema inmune; mientras que los genes *up* se enfocaron en procesos de transporte de electrones, regulación de la traducción del reservorio de nutrientes, adhesión biológica y muerte (Gráfico 4.17).

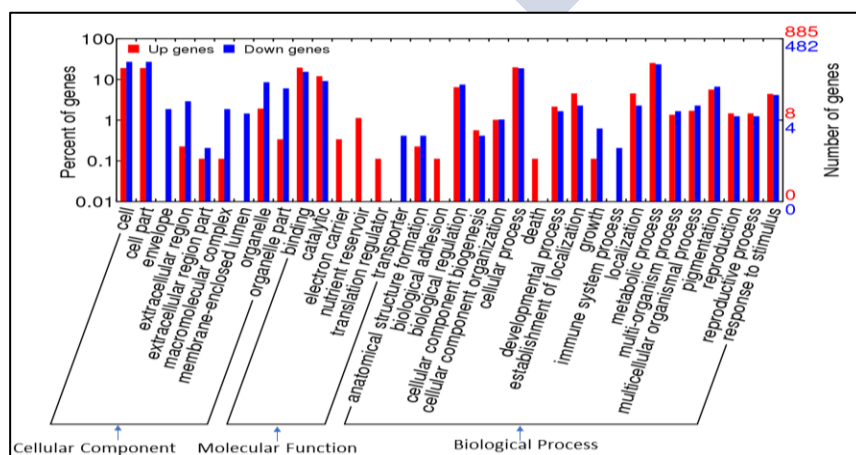


Gráfico 4.17 Términos de ontología genética identificada en tres categorías a partir de 588 y 1083 GDEs comunes *up* y *down*, usando la Web Gene Ontology Annotation Plotting (BGI WEGO).

Tabla 4.41 Principales términos de enriquecimiento de ontología genética identificados a partir de 588 *genes down regulated* durante la senescencia de líneas puras de maíz templado, usando la plataforma PlantRegMap.

| GO ID | Términos de enriquecimiento | p-value | Aspect |
|------------|---|----------|--------|
| GO:0015979 | Photosynthesis | 1,00E-30 | P |
| GO:0019684 | photosynthesis, light reaction | 4,00E-26 | P |
| GO:0018298 | protein-chromophore linkage | 1,40E-23 | P |
| GO:0006091 | generation of precursor metabolites and energy | 2,40E-17 | P |
| GO:0009765 | photosynthesis, light harvesting | 2,60E-14 | P |
| GO:0009642 | response to light intensity | 5,30E-13 | P |
| GO:0009628 | response to abiotic stimulus | 1,60E-11 | P |
| GO:0009416 | response to light stimulus | 2,50E-11 | P |
| GO:0009314 | response to radiation | 6,60E-11 | P |
| GO:0009767 | photosynthetic electron transport chain | 1,70E-10 | P |
| GO:0050896 | response to stimulus | 2,20E-10 | P |
| GO:0009768 | photosynthesis, light harvesting in photosystem I | 1,00E-09 | P |
| GO:0009645 | response to low light intensity stimulus | 5,30E-09 | P |
| GO:0009644 | response to high light intensity | 1,20E-08 | P |
| GO:0009409 | response to cold | 7,00E-08 | P |
| GO:0009266 | response to temperature stimulus | 1,60E-07 | P |
| GO:0010207 | photosystem II assembly | 3,10E-07 | P |
| GO:0044710 | single-organism metabolic process | 8,20E-07 | P |
| GO:0022900 | electron transport chain | 1,10E-06 | P |
| GO:0010218 | response to far red light | 2,10E-06 | P |
| GO:0042440 | pigment metabolic process | 3,00E-06 | P |
| GO:0015995 | chlorophyll biosynthetic process | 4,50E-06 | P |
| GO:0009735 | response to cytokinin | 4,90E-06 | P |
| GO:0046148 | pigment biosynthetic process | 5,40E-06 | P |
| GO:0042221 | response to chemical | 7,20E-06 | P |
| GO:0055114 | oxidation-reduction process | 9,40E-06 | P |
| GO:0009725 | response to hormone | 1,80E-05 | P |
| GO:0015994 | chlorophyll metabolic process | 2,10E-05 | P |
| GO:0006779 | porphyrin-containing compound biosynthetic process | 3,70E-05 | P |
| GO:0010033 | response to organic substance | 4,00E-05 | P |
| GO:0042548 | regulation of photosynthesis, light reaction | 4,40E-05 | P |
| GO:0010114 | response to red light | 4,60E-05 | P |
| GO:0044699 | single-organism process | 4,60E-05 | P |
| GO:0009719 | response to endogenous stimulus | 5,20E-05 | P |
| GO:0010206 | photosystem II repair | 5,40E-05 | P |
| GO:0043467 | regulation of generation of precursor metabolites and energy | 5,90E-05 | P |
| GO:0006778 | porphyrin-containing compound metabolic process | 9,80E-05 | P |
| GO:0016168 | chlorophyll binding | 4,80E-26 | F |
| GO:0046906 | tetrapyrrole binding | 1,00E-10 | F |
| GO:0016628 | oxidoreductase activity, acting on the CH-CH group of donors, NAD or NADP as acceptor | 8,80E-07 | F |
| GO:0016630 | protochlorophyllide reductase activity | 7,50E-06 | F |
| GO:0016491 | oxidoreductase activity | 1,40E-05 | F |
| GO:0008187 | poly-pyrimidine tract binding | 6,40E-05 | F |
| GO:0008266 | poly(U) RNA binding | 6,40E-05 | F |
| GO:0016627 | oxidoreductase activity, acting on the CH-CH group of donors | 8,20E-05 | F |
| GO:0009579 | thylakoid | 1,00E-30 | C |
| GO:0044434 | chloroplast part | 1,00E-30 | C |
| GO:0044435 | plastid part | 1,00E-30 | C |

Tabla 4.41 (Continuación) Principales términos de enriquecimiento de ontología genética identificados a partir de 588 genes comunes *down regulated* durante la senescencia de líneas puras de maíz templado, usando la plataforma PlantRegMap.

| GO ID | Términos de enriquecimiento | p-value | Aspect |
|------------|--|----------|--------|
| GO:0009534 | chloroplast thylakoid | 1,00E-30 | C |
| GO:0031976 | plastid thylakoid | 1,00E-30 | C |
| GO:0044436 | thylakoid part | 1,00E-30 | C |
| GO:0034357 | photosynthetic membrane | 1,00E-30 | C |
| GO:0009507 | chloroplast | 1,00E-30 | C |
| GO:0009536 | plastid | 1,00E-30 | C |
| GO:0042651 | thylakoid membrane | 1,00E-30 | C |
| GO:0009535 | chloroplast thylakoid membrane | 1,00E-30 | C |
| GO:0055035 | plastid thylakoid membrane | 1,00E-30 | C |
| GO:0031984 | organelle subcompartment | 1,00E-30 | C |
| GO:0009521 | photosystem | 1,00E-30 | C |
| GO:0009532 | plastid stroma | 1,00E-30 | C |
| GO:0009570 | chloroplast stroma | 1,00E-30 | C |
| GO:0009522 | photosystem I | 1,00E-30 | C |
| GO:0009941 | chloroplast envelope | 1,00E-30 | C |
| GO:0009526 | plastid envelope | 1,00E-30 | C |
| GO:0009523 | photosystem II | 1,00E-30 | C |
| GO:0044446 | intracellular organelle part | 1,60E-26 | C |
| GO:0044422 | organelle part | 1,80E-26 | C |
| GO:0031967 | organelle envelope | 8,40E-23 | C |
| GO:0031975 | envelope | 1,20E-22 | C |
| GO:0010287 | plastoglobule | 1,80E-22 | C |
| GO:0098796 | membrane protein complex | 2,00E-20 | C |
| GO:0009543 | chloroplast thylakoid lumen | 8,20E-20 | C |
| GO:0031978 | plastid thylakoid lumen | 8,20E-20 | C |
| GO:0031977 | thylakoid lumen | 1,30E-18 | C |
| GO:0044444 | cytoplasmic part | 7,70E-17 | C |
| GO:0005737 | cytoplasm | 9,20E-15 | C |
| GO:0009538 | photosystem I reaction center | 8,30E-13 | C |
| GO:0043231 | intracellular membrane-bounded organelle | 1,00E-12 | C |
| GO:0043227 | membrane-bounded organelle | 1,00E-12 | C |
| GO:0043229 | intracellular organelle | 6,00E-10 | C |
| GO:0043226 | organelle | 6,40E-10 | C |
| GO:0009654 | photosystem II oxygen evolving complex | 5,10E-08 | C |
| GO:0005622 | intracellular | 7,50E-08 | C |
| GO:0044424 | intracellular part | 1,00E-07 | C |
| GO:0098807 | chloroplast thylakoid membrane protein complex | 1,50E-07 | C |
| GO:0048046 | apoplast | 3,30E-07 | C |
| GO:0005623 | cell | 8,00E-07 | C |
| GO:0044464 | cell part | 1,80E-06 | C |
| GO:0019898 | extrinsic component of membrane | 2,30E-06 | C |
| GO:0010319 | stromule | 3,10E-06 | C |
| GO:0043234 | protein complex | 9,10E-06 | C |
| GO:0030093 | chloroplast photosystem I | 5,20E-05 | C |
| GO:0032991 | macromolecular complex | 5,20E-05 | C |

GO ID= Identificación de la ontología genética. P= Procesos biológicos. F= Función molecular. C= Componente celular.

Tabla 4.42 Principales términos de enriquecimiento de ontología genética identificados a partir de 1083 genes comunes *up regulated* durante la senescencia de líneas puras de maíz templado, usando la plataforma PlantRegMap.

| GO ID | Términos de enriquecimiento | p-value | Aspect |
|------------|---|----------|-----------------|
| GO:1901565 | organonitrogen compound catabolic process | 2,10E-05 | P ^{1/} |
| GO:0003824 | catalytic activity | 8,70E-16 | F |
| GO:0004497 | monooxygenase activity | 1,40E-07 | F |
| GO:0016757 | transferase activity, transferring glycosyl groups | 2,20E-06 | F |
| GO:0016740 | transferase activity | 3,50E-06 | F |
| GO:0004674 | protein serine/threonine kinase activity | 4,80E-06 | F |
| GO:0016491 | oxidoreductase activity | 8,00E-06 | F |
| GO:0020037 | heme binding | 9,90E-06 | F |
| GO:0005506 | iron ion binding | 1,00E-05 | F |
| GO:0043565 | sequence-specific DNA binding | 1,70E-05 | F |
| GO:0016705 | oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen | 1,90E-05 | F |
| GO:0030145 | manganese ion binding | 2,50E-05 | F |
| GO:0046906 | tetrapyrrole binding | 4,60E-05 | F |
| GO:0031224 | intrinsic component of membrane | 8,50E-08 | C |
| GO:0016021 | integral component of membrane | 3,50E-07 | C |
| GO:0044425 | membrane part | 3,10E-06 | C |
| GO:0016020 | membrane | 1,50E-05 | C |

GO ID= Identificación de la ontología genética. P= Procesos biológicos. F= Función molecular. C= Componente celular.

El análisis de términos GO para los genes consistentes a lo largo del tiempo durante el proceso de senescencia reveló que los genes *down regulated* identificados en la etapa de senescencia temprana (floración femenina a 15 ddff ó 75 DBS) enriquecieron únicamente para el proceso biológico de la fotosíntesis. Sin embargo, a partir de la etapa media hasta el final de la senescencia (15 a 45 DBS) 21 GO en términos de procesos biológicos fueron enriquecidos, incluyendo la ruta de señalización de la luz, respuesta celular a los estímulos de la luz, transporte transmembrana, respuesta a la radiación y a estímulos abióticos, procesos celulares y metabólicos, fotosíntesis, biogénesis de proteínas complejas, pigmentación y oxido-reducción. En el mismo período (15 a 45 DBS) en los genes *up regulated* se detectaron 41 GO en términos de procesos biológicos, incluyendo el transporte de sustancias orgánicas, proceso metabólico y catabólico, procesos biosintéticos, transporte de ácidos orgánicos y carboxílicos; y, movimiento estomático (Gráfico 4.18).

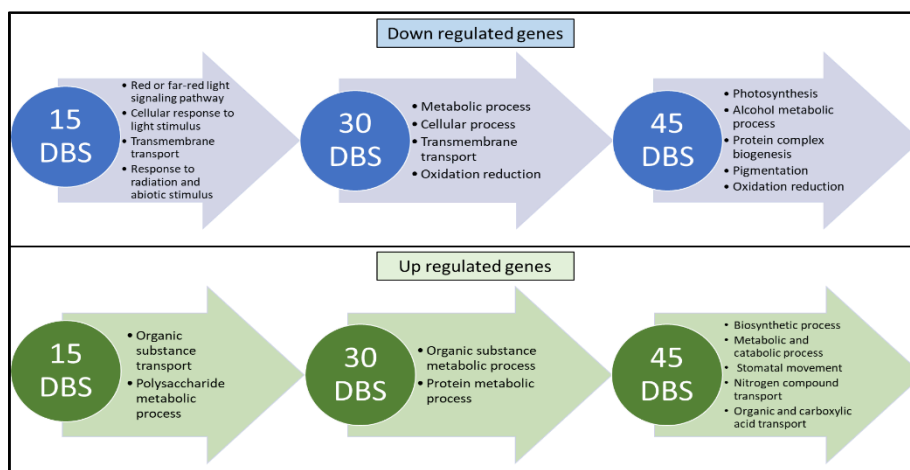


Gráfico 4.18 Principales GO en términos de procesos biológicos identificados en los genes consistentes *down* y *up* durante la etapa media a final de la senescencia (expresado en días antes de la senescencia, DBS).

Analizando en más detalle los genes *down regulated* por grupos, dentro de los procesos biológicos durante la etapa media a final de la senescencia se observó que los genes de luz roja y/o rojo lejano, que actúan en respuesta al estímulo o a alta intensidad de la luz, se concentraron en el grupo de la ruta de señalización de la luz; dentro del grupo de procesos metabólicos se identificaron genes relacionados con el ácido mono carboxílico, alcohol, generación de precursores de metabolitos y energía, glutamato, glutamina, purina, piruvato, nucleótidos de nicotinamida, nucleótido de piridina, coenzimas de oxidorreducción, porfirina y nucleósidos trifosfato; en el caso del transporte transmembrana, se encontraron genes implicados en el transporte de aniones, iones, cationes, ácido carboxílico, ácido orgánico, C4-dicarboxilato, malato, oxaloacetato e iones metálicos. Por el contrario, en los genes *up regulated*, dentro del grupo de procesos metabólicos se identificaron genes implicados en la síntesis de polisacáridos, proteínas, sustancias orgánicas, prolina, glutamina y alfa-aminoácidos; en el grupo del proceso catabólico se identificaron genes relacionados con ácidos orgánicos, ácido carboxílico, pequeñas moléculas de compuestos órgano-nitrogenados, compuestos aromáticos, alfa-aminoácidos y compuestos orgánicos cíclicos. En el grupo de transporte de sustancias orgánicas se detectaron genes relacionados con el transporte de ácidos orgánicos, ácido carboxílico, derivados de carbohidratos y organismos simples.

Con respecto a las funciones moleculares en los genes *down regulated*, se encontraron genes relacionados con la homodimerización de proteínas, el transporte transmembrana de cationes inorgánicos monovalentes, las actividades transportadoras transmembrana de cationes, así como la unión de proteínas idénticas, iones (calcio, metal) y cationes. En los genes *up regulated*, las funciones moleculares se centraron en actividades de la proteína serina / treonina kinasa, UDP-glicosiltransferasa, éster fosfórico hidrolasa, reservorio de nutrientes, transferasa (transferencia de grupos hexosilo), transporte transmembrana de sustratos específicos, monooxigenasa, transaminasa, transporte de derivados de carbohidratos y actividades de carboxi-liasa; también, lípidos, unión de iones (de manganeso, transición de metal y hierro).

En relación con la categoría de componentes celulares en cada momento, los genes vinculados al plastidio, el tilacoide, el cloroplasto, el plastoglobulo y el apoplasto, fueron identificados dentro de los genes regulados negativamente. Mientras que, en los genes regulados positivamente, se encontraron genes relacionados con el aparato de Golgi, la membrana y el peroxisoma.

4.3.4 Predicción de factores de transcripción (TFs)

Los TFs son proteínas importantes que actúan durante la regulación de la expresión génica. Entre los 588 GDEs *down regulated* comunes (siete líneas) se identificaron un total de 36 TFs que regulan a diferentes genes, los que se distribuyeron en 19 familias de TFs. Cuatro familias de TFs (bHLH, HD-ZIP, CO-like y MYB_related) estuvieron estadísticamente sobrerrepresentadas durante la senescencia de las líneas puras de maíz, suponiendo entre el 8,3 y 16,7% de los TFs en relación con el resto de familias (Tabla 4.43, Gráfico 4.19). Por el contrario, se detectaron un total de 103 TFs regulando a varios genes, los que se distribuyeron en 20 familias de TFs dentro de los 1083 GDEs *up regulated* comunes (siete líneas). En este caso, las familias de TFs WRKY y NAC estuvieron sobrerrepresentadas durante la senescencia del maíz, suponiendo el 23,3 y 15,5% de los TFs en relación con el resto de familias, respectivamente (Tabla 4.44, Gráfico 4.19).

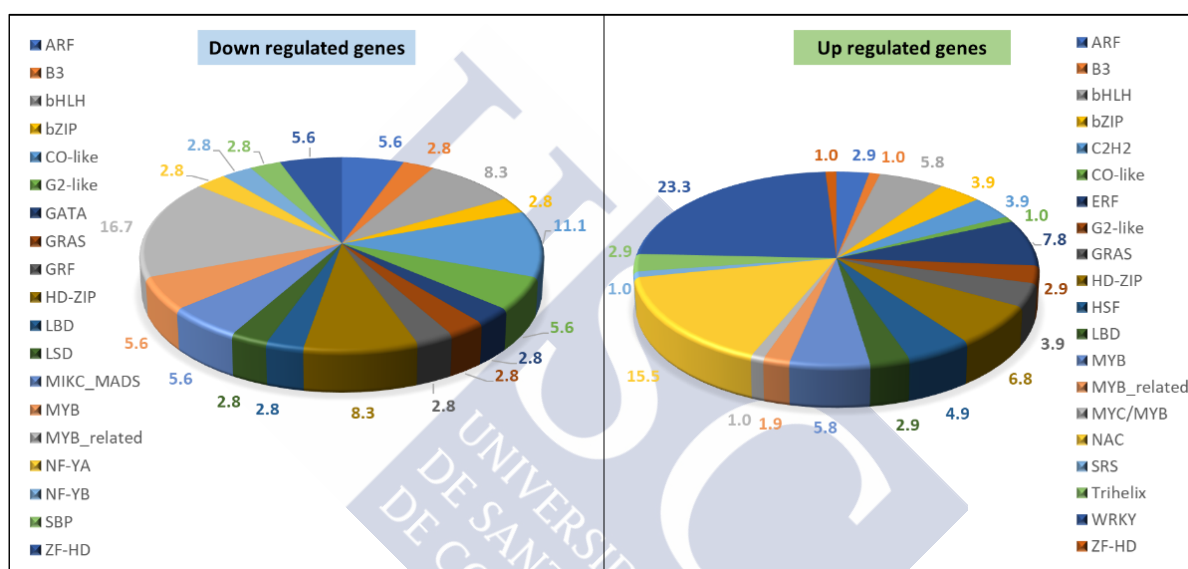


Gráfico 4.19 Familias de TFs y porcentaje de genes implicados en la senescencia de líneas puras de maíz, identificados en 588 y 1083 genes comunes *down* y *up*.

Tabla 4.43 Factores de transcripción (n=36) identificados dentro de los 588 genes comunes *down regulated* obtenidos por similitud de un total de 3308 y 1600 TFs provenientes de las plataformas PlantRegMap e Interpro.

| TF Id | Gen (AGPv4) | Familia | Pfam | Maiz | Descripción |
|-------------------|----------------|-------------|---------|---------|--|
| GRMZM2G000686_P01 | Zm00001d027874 | NF-YA | PF02045 | NFYA1 | Nuclear transcription factor Y subunit A1 |
| GRMZM2G015080_P01 | Zm00001d005029 | GRAS | PF03514 | GRAS37 | GRAS-transcription factor 37 |
| GRMZM2G017319_P01 | Zm00001d033347 | LBD | PF03195 | LBD11 | LOB domain-containing protein 38 |
| GRMZM2G031983_P01 | Zm00001d016361 | GATA | PF00320 | GATA15 | Putative GATA transcription factor 22 |
| GRMZM2G081816_P01 | Zm00001d044242 | bHLH | PF00010 | bHLH25 | Transcription factor bHLH87 |
| GRMZM2G113779_P01 | Zm00001d006451 | SBP | PF03110 | SBP13 | Squamosa promoter-binding-like protein 4 |
| GRMZM2G316758_P01 | Zm00001d052038 | bHLH | PF00010 | bHLH12 | bHLH-transcription factor 12 |
| GRMZM2G361611_P01 | Zm00001d053988 | bZIP | PF00170 | bZIP84 | bZIP-transcription factor 84 |
| GRMZM2G387528_P02 | Zm00001d008205 | bHLH | PF00010 | PIF3 | Transcription factor PIF3 |
| GRMZM2G389379_P01 | Zm00001d005931 | ZF-HD | PF04770 | ZHD16 | ZF-HD-transcription factor 16 |
| GRMZM2G438438_P01 | Zm00001d032175 | ZF-HD | PF04770 | ZHD5 | Zinc-finger homeodomain protein 11 |
| GRMZM2G444073_P01 | Zm00001d049485 | NF-YB | PF00808 | CADTFR5 | CCAAT-DR1-transcription factor 5 |
| GRMZM2G081406_P01 | Zm00001d051172 | ARF | PF02362 | ARF15 | ARF-transcription factor 15 |
| GRMZM2G390641_P01 | Zm00001d000358 | ARF | PF02362 | ARF21 | ARF-transcription factor 21 |
| GRMZM2G109879_P01 | Zm00001d004358 | B3 | PF02362 | ABI28 | ABI3-VP1-transcription factor 28 |
| GRMZM2G012717_P01 | Zm00001d037327 | CO-like | PF06203 | COL10 | Zinc finger protein CONSTANS-LIKE 16 |
| GRMZM2G114137_P01 | Zm00001d013443 | CO-like | PF06203 | COL8 | C2C2-CO-like-transcription factor 8 |
| GRMZM2G144346_P01 | Zm00001d033719 | CO-like | PF06203 | COL2 | Zinc finger protein CONSTANS-LIKE 16 |
| AC234155.1_FGP002 | Zm00001d010634 | G2-like | PF00249 | GLK25 | Myb-related protein 2 |
| GRMZM2G026833_P01 | Zm00001d044785 | G2-like | PF00249 | GLK1 | Transcription activator GLK2 |
| GRMZM2G026223_P01 | Zm00001d027425 | MIKC_MADS | PF00319 | ZAG6 | Agamous-like MADS-box protein AGL14 |
| GRMZM2G161666_P01 | Zm00001d047355 | MIKC_MADS | PF01486 | MADS51 | MADS-transcription factor 51 |
| GRMZM5G853392_P03 | Zm00001d013346 | GRF | PF08879 | GRF14 | GRF-transcription factor 14 |
| GRMZM2G010929_P02 | Zm00001d008612 | HD-ZIP | PF00046 | HB26 | Thylakoid lumenal 15 kDa protein 1, chloroplastic |
| GRMZM2G366130_P01 | Zm00001d005875 | HD-ZIP | PF00046 | HB59 | Homeobox-transcription factor 59 |
| GRMZM2G130442_P01 | Zm00001d049443 | HD-ZIP | PF01852 | OCL5A | outer cell layer5a |
| GRMZM2G055135_P01 | Zm00001d049525 | LSD | PF06943 | | LSD one like 1 |
| GRMZM2G037650_P01 | Zm00001d032032 | MYB | PF00249 | MYB167 | MYB-transcription factor 167 |
| GRMZM2G130149_P01 | Zm00001d030678 | MYB | PF00249 | MYB56 | MYB domain protein 48 |
| AC204212.4_FGP001 | Zm00001d017782 | MYB_related | PF00249 | MYBR78 | Protein RADIALIS-like 5 |
| GRMZM2G014902_P01 | Zm00001d049543 | MYB_related | PF00249 | CCA1 | Circadian clock associated 1 |
| GRMZM2G048136_P01 | Zm00001d048623 | MYB_related | PF00249 | MYB88 | MYB domain protein 48 |
| GRMZM2G057955_P01 | Zm00001d044194 | MYB_related | PF00249 | MYBR97 | MYB-related-transcription factor 97 |
| GRMZM2G118693_P01 | Zm00001d051458 | MYB_related | PF00249 | MYBR64 | 2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase, chloroplastic |
| GRMZM2G175265_P01 | Zm00001d024547 | MYB_related | PF00249 | MYBR48 | MYB-related-transcription factor 48 |
| GRMZM2G414423_T02 | Zm00001d022500 | CO-like | PF06203 | | Zinc finger protein CONSTANS-LIKE 13 |

Tabla 4.44 Factores de transcripción (n=103) identificados dentro de los 1083 genes comunes *up regulated* obtenidos por similitud de un total de 3308 y 1600 TFs provenientes de las plataformas PlantRegMap e Interpro.

| TF Id | Gen (AGPv4) | Familia | Pfam | Maíz | Descripción |
|---------------------|----------------|---------|---------|---------|--|
| GRMZM2G028980_P01 | Zm00001d053819 | ARF | PF02362 | ARF16 | Auxin response factor 6 |
| GRMZM2G102845_P01 | Zm00001d015243 | ARF | PF06507 | ARF20 | ARF-transcription factor 20 |
| GRMZM2G153233_P01 | Zm00001d032683 | ARF | PF02362 | ARF2 | Auxin response factor |
| GRMZM2G065538_P01 | Zm00001d011639 | B3 | PF02362 | ABI33 | AP2/ERF and B3 domain-containing transcription factor RAV1 |
| GRMZM2G088443_P01 | Zm00001d039764 | bHLH | PF00010 | bHLH104 | Transcription factor bHLH51 |
| GRMZM2G132550_P01 | Zm00001d037749 | bHLH | PF00010 | bHLH124 | bHLH-transcription factor 124 |
| GRMZM2G173534_P01 | Zm00001d042263 | bHLH | PF00010 | bHLH175 | bHLH-transcription factor 175 |
| GRMZM2G333582_P01 | Zm00001d008853 | bHLH | PF00010 | bHLH62 | bHLH-transcription factor 62 |
| GRMZM2G397755_P01 | Zm00001d039459 | bHLH | PF00010 | bHLH70 | bHLH-transcription factor 70 |
| GRMZM5G822829_P01 | Zm00001d026147 | bHLH | PF00010 | r1 | r1 - colored1 |
| GRMZM2G030877_P01 | Zm00001d052543 | bZIP | PF00170 | bZIP79 | Transcription factor TGA9 |
| GRMZM2G093020_P02 | Zm00001d030577 | bZIP | PF00170 | bZIP45 | bZIP transcription factor 2 |
| GRMZM2G094352_P01 | Zm00001d024160 | bZIP | PF14144 | bZIP107 | Transcription factor TGA7 |
| GRMZM5G858197_P01 | Zm00001d042721 | bZIP | PF00170 | bZIP95 | |
| AF546187.1_FGP012 | Zm00001d030858 | C2H2 | PF13912 | | Zinc finger protein ZAT10 |
| GRMZM2G112799_P01 | Zm00001d012427 | C2H2 | PF13912 | | |
| GRMZM2G175000_P01 | Zm00001d035701 | C2H2 | PF13465 | C2H4 | Uncharacterized zinc finger protein |
| GRMZM2G376061_P01 | Zm00001d042933 | C2H2 | PF13912 | | |
| GRMZM2G042198_P01 | Zm00001d051684 | CO-like | PF00643 | COL14 | Zinc finger protein CONSTANS-LIKE 10 |
| GRMZM2G016434_P01 | Zm00001d016616 | ERF | PF00847 | EREB129 | AP2-EREBP-transcription factor 129 |
| GRMZM2G053503_P02 | Zm00001d009103 | ERF | PF00847 | EREB148 | AP2-EREBP-transcription factor 148 |
| GRMZM2G100727_P01 | Zm00001d038320 | ERF | PF00847 | EREB133 | AP2-EREBP-transcription factor 133 |
| GRMZM2G149756_P01 | Zm00001d042717 | ERF | PF00847 | EREB174 | Ethylene response factor 110 |
| GRMZM2G425798_P02 | Zm00001d025281 | ERF | PF00847 | EREB149 | AP2-EREBP-transcription factor 149 |
| GRMZM2G457562_P01 | Zm00001d010175 | ERF | PF00847 | EREB113 | AP2-EREBP-transcription factor 113 |
| GRMZM2G474326_P01 | Zm00001d043491 | ERF | PF00847 | EREB134 | AP2-EREBP-transcription factor 134 |
| Zm00001d026184_T001 | Zm00001d026184 | ERF | PF00847 | | Ethylene-responsive transcription factor |
| GRMZM2G060485_P01 | Zm00001d015521 | G2-like | PF00249 | GLK24 | G2-like-transcription factor 24 |
| GRMZM2G100709_P01 | Zm00001d036638 | G2-like | PF00249 | GLK31 | G2-like-transcription factor 31 |
| GRMZM2G454449_P01 | Zm00001d046981 | G2-like | PF00249 | GLK32 | G2-like-transcription factor 32 |
| GRMZM2G018254_P01 | Zm00001d048588 | GRAS | PF03514 | GRAS48 | GRAS-transcription factor 48 |
| GRMZM2G073779_P01 | Zm00001d048603 | GRAS | PF03514 | GRAS83 | GRAS-transcription factor 83 |
| GRMZM2G129154_P01 | Zm00001d011881 | GRAS | PF03514 | GRAS2 | GRAS-transcription factor 2 |
| GRMZM2G420280_P01 | Zm00001d003657 | GRAS | PF03514 | GRAS25 | GRAS-transcription factor 25 |
| GRMZM2G132367_P01 | Zm00001d027991 | HD-ZIP | PF00046 | HB5 | Homeobox-leucine zipper protein ATHB-6 |
| GRMZM2G351330_P01 | Zm00001d002799 | HD-ZIP | PF02183 | HB66 | Homeobox-transcription factor 66 |
| GRMZM2G041462_P01 | Zm00001d021268 | HD-ZIP | PF02183 | HB128 | Homeobox-transcription factor 128 |
| GRMZM2G047715_P01 | Zm00001d050834 | HD-ZIP | PF00046 | HB56 | Homeobox-leucine zipper protein HAT14 |
| GRMZM2G117164_P01 | Zm00001d017422 | HD-ZIP | PF00046 | HB41 | Homeobox-transcription factor 41 |
| GRMZM2G034113_P01 | Zm00001d006195 | HD-ZIP | PF02183 | HB126 | Homeobox-leucine zipper protein ATHB-7 |
| GRMZM2G104204_P01 | Zm00001d021934 | HD-ZIP | PF00046 | HB13 | Homeobox-leucine zipper protein ATHB-21 |
| AC205471.4_FGP003 | Zm00001d010812 | HSF | PF00447 | HSF16 | Heat stress transcription factor A4A |
| GRMZM2G002131_P01 | Zm00001d005888 | HSF | PF00447 | HSF1 | Heat stress transcription factor B-1 |
| GRMZM2G105348_P01 | Zm00001d016255 | HSF | PF00447 | HSF18 | Heat stress transcription factor 18 |
| GRMZM2G139535_P01 | Zm00001d020714 | HSF | PF00447 | HSF21 | Heat stress transcription factor B-1 |
| Zm00001d043536_T001 | Zm00001d043536 | HSF | PF00447 | | Heat stress transcription factor C-1 |
| GRMZM2G021095_P01 | Zm00001d028721 | LBD | PF03195 | LBD4 | LBD-transcription factor 1 |
| GRMZM2G025989_P01 | Zm00001d052317 | LBD | PF03195 | LBD25 | LBD-transcription factor 25 |
| GRMZM2G145568_P01 | Zm00001d047752 | LBD | PF03195 | LBD41 | LOB domain-containing protein 11 |
| AC206901.3_FGP005 | Zm00001d025864 | MYB | PF00249 | MYB132 | MYB-transcription factor 132 |
| GRMZM2G031323_P01 | Zm00001d021761 | MYB | PF00249 | MYB105 | MYB-transcription factor 105 |
| GRMZM2G048295_P01 | Zm00001d003064 | MYB | PF00249 | MYB72 | MYB-transcription factor 72 |

Tabla 4.44 (Continuación) Factores de transcripción (n=103) identificados dentro de los 1083 genes comunes *up regulated* obtenidos por similitud de un total de 3308 y 1600 TFs provenientes de las plataformas PlantRegMap e Interpro.

| TF Id | Gen (AGPv4) | Familia | Pfam | Maiz | Descripción |
|---------------------|----------------|-------------|---------|---------|--|
| GRMZM2G131442_P01 | Zm00001d048647 | MYB | PF00249 | MYB4 | MYB-transcription factor 4 |
| GRMZM2G160840_P01 | Zm00001d041580 | MYB | PF00249 | MYB118 | MYB-transcription factor 118 |
| GRMZM2G405094_P01 | Zm00001d012255 | MYB | PF00249 | MYB163 | MYB-transcription factor 163 |
| GRMZM2G027914_P01 | Zm00001d042756 | MYB_related | PF00249 | MYBR37 | Homeodomain-like superfamily protein |
| GRMZM2G143640_P01 | Zm00001d012285 | MYB_related | PF00249 | MYBR55 | Homeodomain-like superfamily protein |
| Zm00001d023479_T001 | Zm00001d023479 | MYC/MYB | PF14215 | | LONESOME HIGHWAY |
| GRMZM2G003715_P01 | Zm00001d024543 | NAC | PF02365 | NAC61 | |
| GRMZM2G011598_P01 | Zm00001d028999 | NAC | PF02365 | NAC44 | positive regulation of ethylene biosynthetic process |
| GRMZM2G018553_P01 | Zm00001d013003 | NAC | PF02365 | NAC6 | senescence |
| GRMZM2G031001_P01 | Zm00001d028995 | NAC | PF02365 | NAC11 | Four distinct types of dehydration stress memory genes in Arabidopsis thaliana |
| GRMZM2G042494_P01 | Zm00001d047554 | NAC | PF02365 | NAC81 | senescence |
| GRMZM2G063522_P01 | Zm00001d014405 | NAC | PF02365 | NAC113 | NAC domain-containing protein 21/22 |
| GRMZM2G109627_P01 | Zm00001d008399 | NAC | PF02365 | NAC118 | same than NAC44 |
| GRMZM2G114850_P01 | Zm00001d041472 | NAC | PF02365 | NAC108 | same than NAC113 |
| GRMZM2G127379_P01 | Zm00001d023294 | NAC | PF02365 | NAC25 | same than NAC44 |
| GRMZM2G146380_P01 | Zm00001d016950 | NAC | PF02365 | NAC30 | senescence |
| GRMZM2G156977_P01 | Zm00001d002285 | NAC | PF02365 | NAC22 | NAC transcription factor 22 |
| GRMZM2G163251_P01 | Zm00001d034277 | NAC | PF02365 | NAC7 | Transcription factor JUNGBRUNNEN 1 |
| GRMZM2G179885_P01 | Zm00001d021818 | NAC | PF02365 | NAC132 | senescence, NAC transcription factor 56 |
| GRMZM2G180328_P01 | Zm00001d038221 | NAC | PF02365 | NAC20 | senescence |
| GRMZM2G430849_P01 | Zm00001d022424 | NAC | PF02365 | NAC122 | same than NAC44 |
| GRMZM2G257110_P01 | Zm00001d052390 | NAC | PF02365 | | same than NAC11 |
| GRMZM2G077752_P01 | Zm00001d011843 | SRS | PF05142 | LRP1 | Protein SHI RELATED SEQUENCE 6 |
| GRMZM2G169580_P01 | Zm00001d017420 | Trihelix | PF13837 | THX20 | Trihelix-transcription factor 20 |
| GRMZM2G414159_P01 | Zm00001d013849 | Trihelix | PF13837 | THX19 | Trihelix-transcription factor 19 |
| GRMZM2G325038_T01 | Zm00001d017752 | Trihelix | | | |
| AC193630.3_FGP003 | Zm00001d045375 | WRKY | PF03106 | WRKY39 | Probable WRKY transcription factor 72 |
| AC198725.4_FGP009 | Zm00001d044162 | WRKY | PF03106 | WRKY64 | WRKY-transcription factor 64 |
| GRMZM2G030272_P01 | Zm00001d028962 | WRKY | PF03106 | WRKY32 | WRKY-transcription factor 32 |
| GRMZM2G048450_P01 | Zm00001d016052 | WRKY | PF03106 | WRKY2 | WRKY transcription factor 22 |
| GRMZM2G063216_P01 | Zm00001d052357 | WRKY | PF03106 | WRKY16 | WRKY transcription factor 16 |
| GRMZM2G063880_P01 | Zm00001d009619 | WRKY | PF03106 | WRKY106 | Probable WRKY transcription factor 30 |
| GRMZM2G076657_P02 | Zm00001d041740 | WRKY | PF03106 | WRKY58 | WRKY DNA-binding protein 58 |
| GRMZM2G083350_P01 | Zm00001d008794 | WRKY | PF03106 | WRKY26 | Probable WRKY transcription factor 72 |
| GRMZM2G091331_P02 | Zm00001d026252 | WRKY | PF10533 | WRKY14 | Probable WRKY transcription factor 11 |
| GRMZM2G101405_P01 | Zm00001d043663 | WRKY | PF03106 | WRKY73 | Probable WRKY transcription factor 50 |
| GRMZM2G106560_P01 | Zm00001d007329 | WRKY | PF03106 | WRKY108 | WRKY transcription factor 108 |
| GRMZM2G111711_P01 | Zm00001d046805 | WRKY | PF03106 | WRKY124 | WRKY like transcription factor 18 |
| GRMZM2G143204_P01 | Zm00001d034073 | WRKY | PF03106 | WRKY30 | WRKY transcription factor 57 |
| GRMZM2G143765_P01 | Zm00001d035323 | WRKY | PF03106 | WRKY62 | WRKY DNA-binding protein 58 |
| GRMZM2G148087_P01 | Zm00001d043025 | WRKY | PF03106 | WRKY43 | WRKY transcription factor 33 |
| GRMZM2G151763_P01 | Zm00001d043950 | WRKY | PF03106 | WRKY95 | WRKY transcription factor 95 |
| GRMZM2G169966_P01 | Zm00001d038451 | WRKY | PF03106 | WRKY57 | WRKY transcription factor 33 |
| GRMZM2G304573_P01 | Zm00001d011237 | WRKY | PF03106 | WRKY84 | WRKY transcription factor 84 |
| GRMZM2G381378_P01 | Zm00001d022437 | WRKY | PF03106 | WRKY17 | Probable WRKY transcription factor 54 |
| GRMZM2G475984_P01 | Zm00001d039531 | WRKY | PF03106 | WRKY27 | Probable WRKY transcription factor 50 |
| GRMZM2G516301_P01 | Zm00001d008793 | WRKY | PF03106 | WRKY80 | Probable WRKY transcription factor 50 |
| GRMZM2G581227_P01 | Zm00001d011527 | WRKY | PF03106 | WRKY42 | WRKY transcription factor 42 |
| Zm00001d018203_T001 | Zm00001d018203 | WRKY | PF03106 | | WRKY transcription factor 9 |
| Zm00001d024768_T001 | Zm00001d024768 | WRKY | PF03106 | | |
| GRMZM2G353076_P01 | Zm00001d044662 | ZF-HD | PF04770 | ZHD9 | Mini zinc finger protein 3 |

En la tabla 4.45 y en el gráfico 4.20 se muestran los resultados obtenidos en cada momento antes de la senescencia relacionados con los genes consistentes *down* y *up regulated*. En los genes *down regulated* se identificaron un total de cuatro TFs distribuidos en tres familias desde la floración femenina hasta la senescencia. Se identificaron dos TFs (50%), que incluyen familias de TFs de tipo CO-like y GRF a los 45 DBS; además, se detectó un TF diferente (25%) también asociado a la familia de TF de tipo CO-like a 30 DBS. A los 15 DBS se encontró un TF (25%), correspondientes a la familia ZF-HD. Con respecto a los genes *up regulated*, se identificaron 25 TFs durante la etapa de senescencia, los cuales se clasificaron en 12 familias. El mayor grupo de TFs (44%) se detectó a los 45 DBS, distribuidos en nueve familias de TFs, incluidos bHLH, ERF, G2-like, GRAS, HD-ZIP, HSF, MYB, NAC y WRKY. En los 15 DBS, se encontraron cinco TFs (18,5%), asociados a C2H2, WRKY y Trihelix. Todos los TFs de tipo NAC se encontraron en las líneas de ES a MS (de 75 a 45 DBS) en una proporción de 33,3%. También se identificaron todos los WRKY entre los 45 y 15 DBS en aproximadamente el 15%; mientras que todos los ERF se expresaron en un 11,1% de 60 a 30 DBS. Dentro del 44% de TFs identificados a los 45 DBS, las familias bHLH, NAC y WKRY se expresaron en mayor proporción en comparación al resto de familias de TFs (Tabla 4.45, Gráfico 4.20).



Tabla 4.45 Cuatro y 27 TFs regulando a genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated*, identificados en diferentes momentos durante la senescencia de líneas puras de maíz.

| Genes | Momento (DBS) | TFs | Nombre del gen AGPv4 | Familia | Pfam | Descripción |
|----------------|---------------|---------------------|----------------------|----------|---------|--|
| Down regulated | 15 | Zm00001d005931_T001 | Zm00001d005931 | ZF-HD | PF04770 | ZF-HD homeobox protein, Cys/His-rich dimerisation domain |
| | 30 | Zm00001d022500_T001 | Zm00001d022500 | CO-like | PF06203 | CCT (CCT motif) |
| | | Zm00001d022500_T001 | Zm00001d022500 | CO-like | PF11824 | DUF3344 (Protein of unknown function (DUF3344)) |
| | 45 | Zm00001d033719_T001 | Zm00001d033719 | CO-like | PF06203 | COL2, CCT domain |
| | | Zm00001d013346_T001 | Zm00001d013346 | GRF | PF08879 | WRC domain |
| Up regulated | 15 | Zm00001d041740_T001 | Zm00001d041740 | WRKY | PF03106 | pco138672, WRKY 58, WRKY domain |
| | | Zm00001d041740_T002 | Zm00001d041740 | WRKY | PF03106 | pco138672, WRKY58, WRKY domain |
| | | Zm00001d035701_T001 | Zm00001d035701 | C2H2 | PF13465 | C2H4, zf-H2C2_2 (Zinc-finger double domain) |
| | | Zm00001d035701_T002 | Zm00001d035701 | C2H2 | PF13465 | C2H2 family protein, zf-H2C2_2 (Zinc-finger double domain) |
| | | Zm00001d017752_T001 | Zm00001d017752 | Trihelix | | Transcription factor GT-3b |
| | 30 | Zm00001d038320_T001 | Zm00001d038320 | ERF | PF00847 | EREB133, AP2/ERF domain |
| | 45 | Zm00001d028999_T001 | Zm00001d028999 | NAC | PF02365 | NAC44, NAC domain |
| | | Zm00001d028962_T001 | Zm00001d028962 | WRKY | PF03106 | WRKY32, WRKY domain |
| | | Zm00001d015521_T001 | Zm00001d015521 | G2-like | PF00249 | glk24 - G2-like-transcription factor 24 |
| | | Zm00001d021934_T001 | Zm00001d021934 | HD-ZIP | PF00046 | hb13 - Homeobox-transcription factor 13 |
| | | Zm00001d046805_T001 | Zm00001d046805 | WRKY | PF03106 | WRKY124, WRKY domain |
| | | Zm00001d011881_T001 | Zm00001d011881 | GRAS | PF03514 | Transcription factor GRAS 2 |
| | | Zm00001d002285_T001 | Zm00001d002285 | NAC | PF02365 | NAC 22, NAC domain |
| | | Zm00001d041580_T001 | Zm00001d041580 | MYB | PF00249 | myb118 - MYB-transcription factor 118 |
| | | Zm00001d042263_T001 | Zm00001d042263 | bHLH | PF00010 | bHLH175, Myc-type, basic helix-loop-helix (bHLH) domain |
| | | Zm00001d042263_T002 | Zm00001d042263 | bHLH | PF00010 | cl27985_1a, Myc-type, basic helix-loop-helix (bHLH) domain |
| | | Zm00001d025281_T001 | Zm00001d042263 | ERF | PF00847 | ereb149 - AP2-EREBP-transcription factor 149 |
| | | Zm00001d043536_T001 | Zm00001d043536 | HSF | PF00447 | Heat shock factor protein HSF30 |
| | 60 | Zm00001d016616_T001 | Zm00001d016616 | ERF | PF00847 | ereb129 - AP2-EREBP-transcription factor 129 |
| | | Zm00001d052543_T002 | Zm00001d052543 | bZIP | PF00170 | bzip79 - bZIP-transcription factor 79 |
| | | Zm00001d014405_T001 | Zm00001d014405 | NAC | PF02365 | nactf113 - NAC-transcription factor 113 |
| | | Zm00001d041472_T001 | Zm00001d041472 | NAC | PF02365 | nactf108 - NAC-transcription factor 108 |
| | | Zm00001d022424_T001 | Zm00001d022424 | NAC | PF02365 | nactf122 - NAC-transcription factor 122 |
| | 75 | Zm00001d021818_T001 | Zm00001d021818 | NAC | PF02365 | nactf132 - NAC-transcription factor 132 |
| | | Zm00001d021818_T002 | Zm00001d021818 | NAC | PF02365 | nactf132 - NAC-transcription factor 132 |

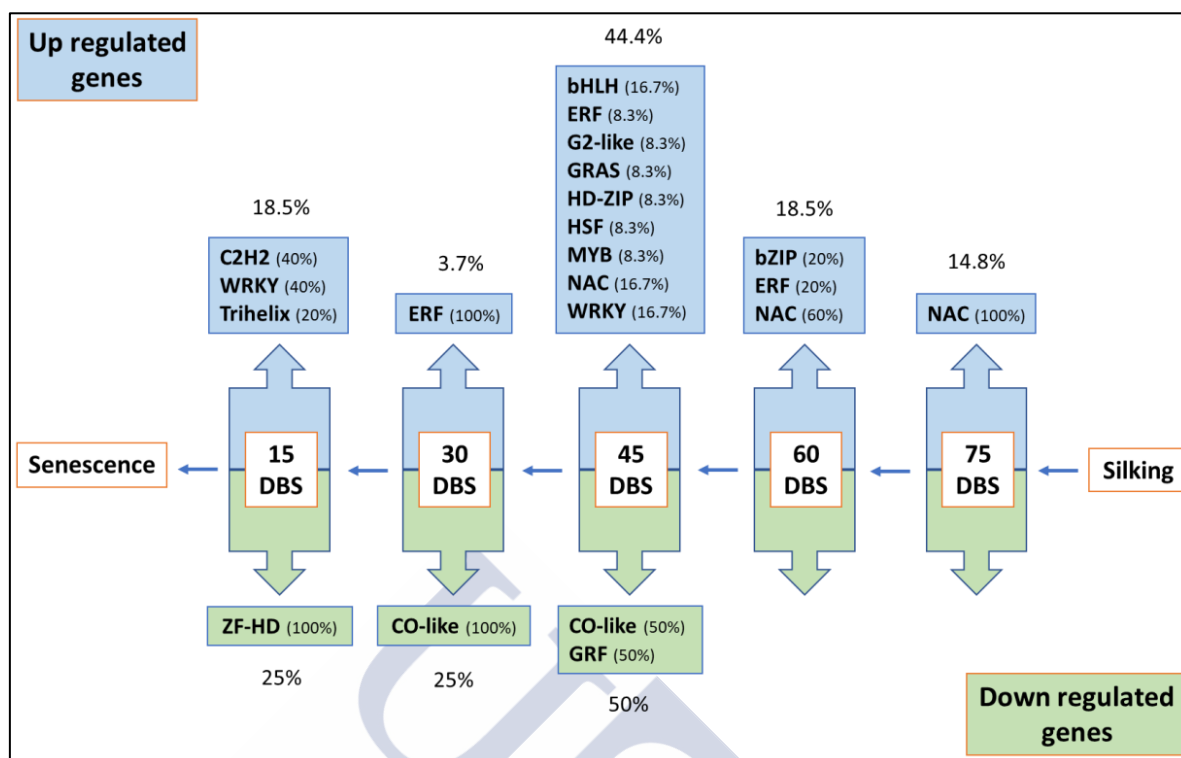


Gráfico 4.20 Proporción de TFs dentro de los genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated*, identificados en diferentes momentos durante la senescencia de líneas puras de maíz.

4.3.5 Análisis de motivos

Promzea identificó un total de 108 motivos. De estos, 53 se encontraron en los genes consistentes *down regulated* y los 55 restantes en genes consistentes *up regulated*. Para cada momento se determinaron entre 6 y 15 motivos en el primer grupo de genes; mientras que en el segundo grupo se encontraron entre 9 y 15, ambos con valoraciones MNCP > 1. La secuencia varió en tamaño de 6 a 10 y de 8 a 10 nucleótidos en los dos grupos de genes estudiados (Gráfico 4.21).

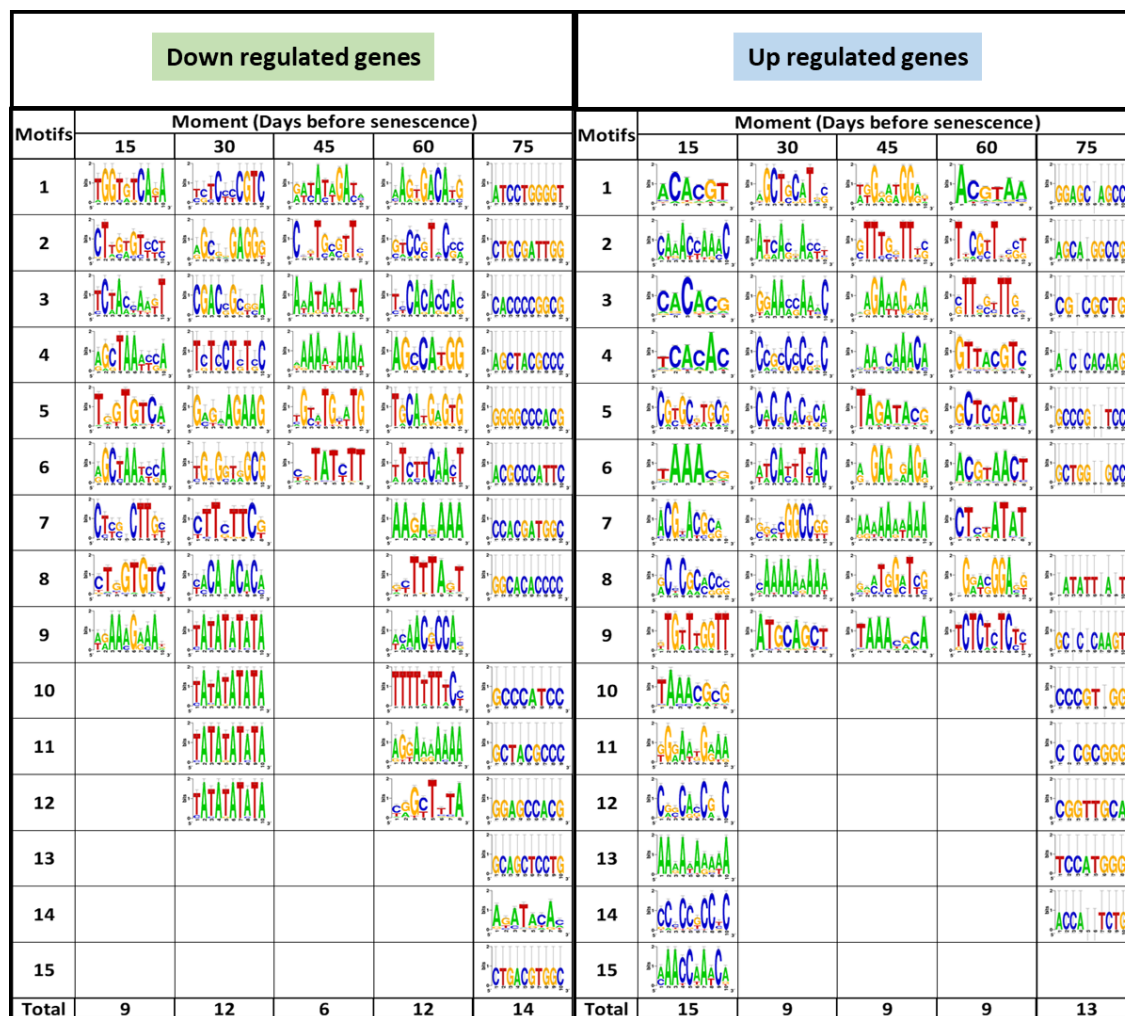


Gráfico 4.21 Logos de las secuencias de los motivos sobrerrepresentados para cada momento en los genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated*, identificados durante la senescencia de líneas puras de maíz.

4.3.6 Predicción de parejas de factores de transcripción-sitios de unión de factores de transcripción (TF-TFBS)

Como se muestra en la tabla 4.46, en nuestros grupos de datos se identificaron, utilizando PlantRegMap durante el proceso de senescencia de las líneas puras de maíz, un total de 44 pares de TF-TFBS. Doce pares de TF-TFBS fueron estadísticamente sobrerrepresentados dentro de los genes consistentes *down regulated*; mientras que los 32 pares restantes dentro de los genes *up regulated*.

Posteriormente, utilizando la plataforma PlantPan2.0, se detectaron 2288 y 4995 pares de TF-TFBS en nuestros grupos de datos durante la senescencia de las líneas puras de maíz, incluyendo los denominados ABREAZMRAB28, ABREBZMRAB28, ANAERO1CONCENSUS, ANAERO2CONCENSUS, DOFCOREZM, DRE1COREZMRAB17, GCAACREDEATZMZEIN, GCBP2ZMGAPC4, MYBPZM, POLASIG3, QELEMENTZMZM13 y TATAPVTRNALEU en el caso de genes *down regulated*; mientras que en los genes *up regulated* se incluyeron las parejas denominadas ANAERO1CONCENSUS, ANAERO3CONCENSUS, DOFCOREZM, DRE1COREZMRAB17, DRECRT, OCTAMOTIF2 y POLASIG3. En ambos conjuntos de

datos, se encontró una mayor proporción de pares de TF-TFBS a los 45 DBS, incluidos las parejas ANAERO1CONCENSUS, DOFCOREZM, DRE1COREZMRAB17 y POLASIG3, con un 45 y un 68,5% respecto del total de genes consistentes *down* y *up regulated*, respectivamente (Gráfico 4.22).

Tabla 4.46 Pares de TF-TFBS identificados en los genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated* usando la plataforma PlanRegMap, durante la senescencia de líneas puras de maíz.

| Genes down regulated | | | | | | | |
|----------------------|----------------|----------------|----------|----------|-------|----------|--------------------|
| Momento (DBS) | TF | Gen objetivo | Posición | Posición | Hebra | p_value | Secuencia de unión |
| 15 | Zm00001d008205 | Zm00001d045451 | 424 | 433 | + | 6,36E-06 | GCCACGTGA |
| 30 | Zm00001d049543 | Zm00001d032301 | 173 | 181 | + | 5,60E-06 | AAGATATTT |
| 45 | Zm00001d049543 | Zm00001d009589 | 137 | 145 | + | 5,60E-06 | AAGATATTT |
| | Zm00001d049543 | Zm00001d021558 | 111 | 119 | - | 5,60E-06 | AAGATATTT |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d007267 | 316 | 330 | + | 4,42E-06 | TGCCACATCAGCACC |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d021906 | 333 | 347 | + | 5,04E-06 | CTCCACGTCAGCGCG |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d029049 | 388 | 402 | - | 5,09E-07 | CGACACGTCAGCTTA |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d033719 | 168 | 182 | + | 3,09E-07 | GTCCACGTCATCATC |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d047532 | 408 | 422 | - | 5,09E-07 | CGACACGTCAGCTTA |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d048998 | 316 | 330 | + | 8,25E-06 | TGCCACATCATCACC |
| 75 | Zm00001d053988 | Zm00001d044396 | 316 | 330 | + | 5,01E-06 | AGCCACGTCAGACGC |
| | Zm00001d053988 | Zm00001d044399 | 415 | 429 | + | 2,81E-06 | AGCCACGTCAGATGC |
| Genes up regulated | | | | | | | |
| Momento (DBS) | TF | Gen objetivo | Posición | Posición | Hebra | p_value | Secuencia de unión |
| 15 | Zm00001d044162 | Zm00001d041740 | 578 | 590 | - | 7,05E-07 | GGCGTTGACTTTG |
| | Zm00001d052543 | Zm00001d048908 | 159 | 169 | + | 6,93E-06 | GATGACGTGAT |
| | Zm00001d021268 | Zm00001d024729 | 417 | 426 | + | 1,18E-06 | AACCAATCAA |
| | Zm00001d047554 | Zm00001d031209 | 329 | 339 | + | 9,18E-06 | ACACGTCACCG |
| | Zm00001d016052 | Zm00001d041740 | 578 | 590 | - | 7,14E-07 | GGCGTTGACTTTG |
| | Zm00001d021818 | Zm00001d024729 | 30 | 46 | - | 7,89E-06 | CTTGTAACAAGGTAA |
| | Zm00001d013849 | Zm00001d017752 | 183 | 196 | - | 9,89E-06 | TTTTTTACCTTTTC |
| | Zm00001d013849 | Zm00001d041740 | 303 | 316 | + | 4,87E-06 | ATTTTTACTTTTAT |
| 30 | Zm00001d044162 | Zm00001d027480 | 14 | 26 | - | 9,34E-06 | AACCTTGACTTGT |
| | Zm00001d044162 | Zm00001d049273 | 566 | 578 | - | 6,12E-06 | TAGTTTGACTTTT |
| | Zm00001d044162 | Zm00001d049273 | 577 | 589 | - | 7,20E-06 | CGCGTTGACTTTA |
| | Zm00001d052543 | Zm00001d036416 | 210 | 220 | + | 5,08E-06 | ACTGACGTCAC |
| | Zm00001d052543 | Zm00001d036416 | 211 | 221 | - | 3,44E-06 | GGTGACGTCAG |
| | Zm00001d016052 | Zm00001d049273 | 577 | 589 | - | 2,10E-06 | CGCGTTGACTTTA |
| | Zm00001d044162 | Zm00001d007180 | 82 | 94 | - | 4,55E-06 | ACTTTTGACTTTT |
| | Zm00001d052543 | Zm00001d035475 | 146 | 156 | - | 6,68E-06 | GATGACGTGAC |
| 45 | Zm00001d021268 | Zm00001d029688 | 112 | 121 | + | 1,18E-06 | AACCAATCAA |
| | Zm00001d021268 | Zm00001d043515 | 259 | 268 | + | 5,51E-06 | ATCCAATCAA |
| | Zm00001d047554 | Zm00001d051174 | 135 | 145 | + | 6,46E-06 | ACACGCAACTG |
| | Zm00001d016255 | Zm00001d016664 | 56 | 66 | - | 9,66E-06 | CCGGAAGCTTC |
| | Zm00001d021818 | Zm00001d026703 | 469 | 485 | - | 3,85E-06 | CTTCCACTCCAAGACAC |
| | Zm00001d013849 | Zm00001d021936 | 161 | 174 | + | 6,10E-06 | GTTTTTACTGTAAT |
| | Zm00001d013849 | Zm00001d044389 | 337 | 350 | - | 6,58E-06 | TTTTTTACTTTTTC |
| | Zm00001d044162 | Zm00001d008340 | 157 | 169 | - | 6,52E-06 | ACATTTGACTTTT |
| 60 | Zm00001d044162 | Zm00001d014748 | 262 | 274 | + | 5,74E-06 | TCCTTTGACTTTG |
| | Zm00001d021268 | Zm00001d006947 | 20 | 29 | - | 9,49E-06 | CACCAATCAA |
| | Zm00001d047554 | Zm00001d012510 | 347 | 357 | + | 2,05E-06 | ACACGTAATTT |
| | Zm00001d016052 | Zm00001d008340 | 157 | 169 | - | 4,05E-06 | ACATTTGACTTTT |
| | Zm00001d016052 | Zm00001d014748 | 262 | 274 | + | 9,89E-06 | TCCTTTGACTTTG |
| | Zm00001d021818 | Zm00001d043912 | 159 | 175 | - | 7,69E-06 | CTTCTAAACAAGACAA |
| | Zm00001d013849 | Zm00001d002847 | 68 | 81 | - | 5,93E-06 | TTTTTTACTGCAAA |
| | Zm00001d013849 | Zm00001d009631 | 314 | 327 | + | 6,10E-06 | ATTTTTACTGTAGC |

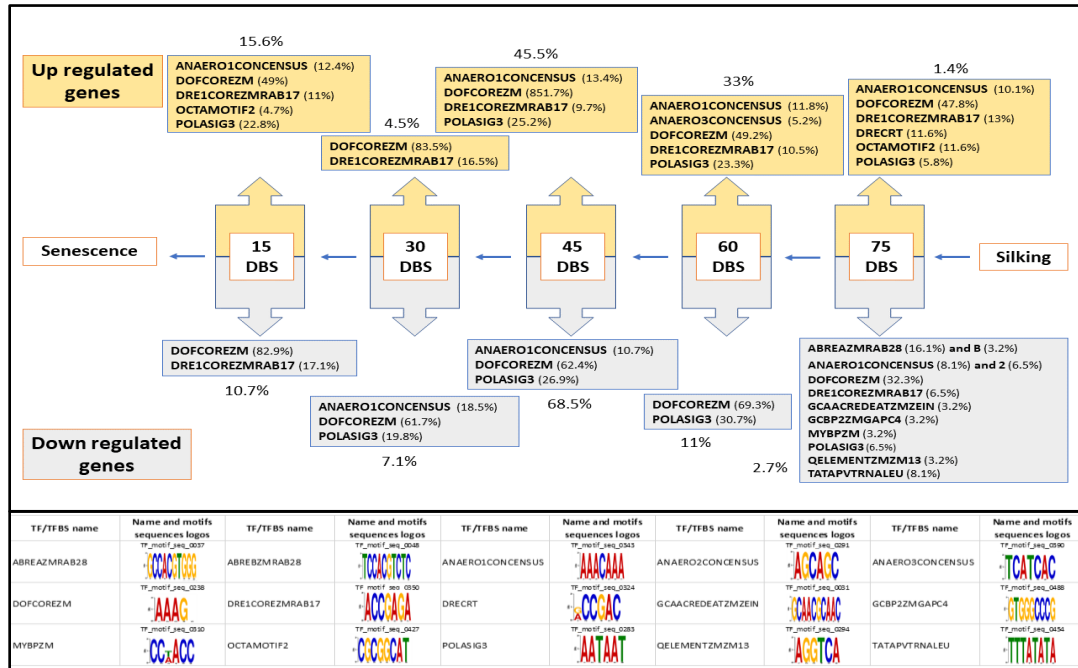


Gráfico 4.22 Parejas de TF-TFBS sobrerrrepresentados en cada momento dentro de los genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated* usando la plataforma PlantPan2.0, identificados durante la senescencia de líneas puras de maíz.

Por otro lado, se detectaron 96 y 119 pares de TF-TFBS usando la plataforma STAMP ($<10e-5$) en los genes *down* y *up regulated*, en todos los procesos de senescencia, basados en la base de datos de Arabidopsis AGRIS. En ambos casos, se incluyeron parejas de TF-TFBS en 35 y 41 coincidencias de similitud de motivos de Arabidopsis, respectivamente (Tabla 4.47). Además, en función de los resultados previos, se identificaron 6 y 13 genes de maíz homólogos a genes de Arabidopsis en ambos grupos de genes estudiados y encontrados durante la etapa de senescencia (Tabla 4.48).

Tabla 4.47 Pares de TF-TFBS identificados en los genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated* usando la plataforma STAMP, durante la senescencia de líneas puras de maíz.

| Momento (DAS) | Genes down regulated | |
|---------------|----------------------|---|
| | Número TFBS | Nombres de motivos de similitud coincidente |
| 15 | 4 | ATHB6, MRE, AP1, MYB4 |
| 30 | 24 | E2F-varient, E2F_DP, ERF1, GCC-box, Hexamer, EveningElement, L1-box, AGL3 |
| 45 | 22 | LS5, GATA, CCA1_v3, OBF4_5, AGL15, EveningElement, EIL1, EIL2, EIL3, EIN3 |
| 60 | 26 | EIL1, EIL2, EIL3, EIN3, AtMYC2, ABFs, AG_v2, AP1, MYB3, CCA1_v3, E2F, E2F_DP, AG_v3, ATB2, AtbZIP53, AtbZIP44, GBF5 |
| 75 | 20 | CBF1, ABFs, ABRE, CBF2, ARF, RAV1-B, E2F-varient, EIL1, EIL2, EIL3, EIN3, TGA1, LS7 |
| Total | 96 | 35 (nombres comunes) |
| Momento (DAS) | Genes up regulated | |
| | Número TFBS | Nombres de motivos de similitud coincidente |
| 15 | 16 | Z-box, G-box, ABFs, MYB4, AtMYB2, MRE, PII, AtMYC2, GT, L1-box, LFY |
| 30 | 4 | MYB4, GT, AtMYB2, AP1 |
| 45 | 15 | MYB1, AGL15, MYB4, PII, GT, MRE, GATA, EIL1, EIL2, E2F-varient, ARF, ARF1, EveningElement, L1-box, LFY |
| 60 | 11 | Z-box, LS7, TGA1, MYB3, MYB2, EveningElement, LS5, DRE, ARF, E2F-varient, GATA |
| 75 | 26 | GT, AtMYC2, SBP-box, ERF1, GCC-box, CBF1, E2F-varient, GT, ATHB6, L1-box, AGL15, PRHA, ATB2, AtbZIP53, AtbZIP44, GBF5, OCS, Hexamer, ABFs, CBF2, GBF1_2_3, ABRE, MYB2, AP1, AG_v3 |
| Total | 119 | 41 (nombres comunes) |

Tabla 4.48 Genes de maíz homólogos a genes de Arabidopsis, identificados en los genes consistentes en el tiempo *down* y *up regulated* usando la plataforma STAMP, durante la senescencia de líneas puras de maíz.

| Genes down regulated | | | | |
|---|-----------------------------|-----------------------|----------------|---|
| Nombres de motivos de similitud coincidente | Arabidopsis símbolo del gen | Nombre en Arabidopsis | Gen (AGPv4) | Descripción en maíz |
| EveningElement | CCA1 | AT2G46830 | Zm00001d049543 | cca1-cicadian clock associated 1 |
| MYB4 | MYB4 | AT4G38620 | Zm00001d032032 | myb167-MYB-transcription factor 167 |
| L1-box | PDF2 | AT4G04890 | Zm00001d049443 | ocl5a-outer cell layer5a |
| EveningElement | CCA1 | AT2G46830 | Zm00001d024547 | myb48-MYB-related-transcription factor 48 |
| ATB2_AtZIP53_A tbZIP44_GBF5 | AtbZIP44 | AT1G75390 | Zm00001d053988 | bzip84-Bzip-transcription factor 84 |
| E2F-varient | E2F1 | AT5G22220 | Zm00001d016736 | |
| Up regulated genes | | | | |
| Nombres de motivos de similitud coincidente | Arabidopsis símbolo del gen | Nombre en Arabidopsis | Gen (AGPv4) | Descripción en maíz |
| Z-box | CAM7 | AT3G43810 | Zm00001d040324 | |
| MYB4 | MYB4 | AT4G38620 | Zm00001d041580 | myb118-MYB-transcription factor 118 |
| MYB4 | MYB4 | AT4G38620 | Zm00001d021761 | myb105-MYB-transcription factor 105 |
| MYB4 | MYB4 | AT4G38620 | Zm00001d003064 | myb72-MYB-transcription factor 72 |
| MYB4 | MYB4 | AT4G38620 | Zm00001d012255 | myb163-MYB-transcription factor 163 |
| MYB4 | MYB4 | AT4G38620 | Zm00001d025864 | myb132-MYB-transcription factor 132 |
| GT | UGT74F2 | AT2G43820 | Zm00001d021168 | |
| E2F-varient | E2F1 | AT5G22220 | Zm00001d038665 | |
| GCC-box | MPK6 | AT2G43790 | Zm00001d045311 | |
| GCC-box | MPK6 | AT2G43790 | Zm00001d047758 | mpk1-MAP Kinase 1 |
| ARF | SFC | AT5G13300 | Zm00001d031666 | |
| ATB2_AtZIP53_A tbZIP44_GBF5 | AtbZIP44 | AT1G75390 | Zm00001d030577 | bzip45-Bzip-transcription factor 45 |
| OCS | OBF5 | AT5G06960 | Zm00001d043152 | |

4.3.7 Validación de genes mediante la prueba de PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR)

Dos de los 15 genes seleccionados fueron eliminados de la validación debido a su baja amplificación. Los resultados obtenidos en la qRT-PCR fueron altamente concordantes con los resultados de RNA-Seq; se determinó un coeficiente de correlación de 0,984, confirmando la consistencia de los datos de RNA-Seq (Tabla 4.49).

Tabla 4.49 Coeficiente de correlación y niveles de expresión de 13 genes seleccionados en dos líneas puras de maíz durante la validación por qRT-PCR de los datos obtenidos mediante RNA-Seq.

| R=0,984 | | | | | | | | | | | | |
|----------------|-------------------------------|-------|-------|--------|-------|--------|-------------------------------|-------|-------|--------|-------|--------|
| Genes | RNA-Seq | | | | | | qRT-PCR | | | | | |
| | PHT10 (Días respecto a la FF) | | | | | | PHT10 (Días respecto a la FF) | | | | | |
| | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| ZM00001D039667 | 0,94 | 0,61 | 0,49 | 0,32 | 0,00 | 0,00 | 0,63 | 0,79 | 1,29 | 0,45 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D009745 | 0,78 | 0,53 | 0,49 | 0,44 | 0,00 | 0,00 | 0,93 | 0,39 | 0,66 | 0,47 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D046682 | 0,55 | 0,21 | 0,21 | 0,18 | 0,00 | 0,00 | 0,74 | 0,39 | 0,78 | 0,27 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D027581 | 0,97 | 0,21 | 0,49 | 0,36 | 0,00 | 0,00 | 1,32 | 0,44 | 1,74 | 0,68 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D021763 | 0,48 | 0,28 | 0,14 | 0,02 | 0,00 | 0,00 | 0,75 | 0,44 | 0,38 | 0,07 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D020636 | 2,19 | 2,51 | 9,90 | 11,40 | 0,00 | 0,00 | 1,76 | 1,11 | 11,93 | 6,97 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D048246 | 1,75 | 1,57 | 2,91 | 8,80 | 0,00 | 0,00 | 1,29 | 1,35 | 5,90 | 15,72 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D007827 | 0,80 | 0,31 | 2,77 | 3,42 | 0,00 | 0,00 | 1,23 | 0,39 | 1,54 | 0,63 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D007753 | 0,73 | 18,17 | 21,84 | 494,30 | 0,00 | 0,00 | 0,76 | 26,70 | 38,95 | 351,99 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D002065 | 1,92 | 1,91 | 6,53 | 5,56 | 0,00 | 0,00 | 1,91 | 3,15 | 9,30 | 7,45 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D046909 | 1,11 | 0,98 | 1,91 | 2,75 | 0,00 | 0,00 | 1,01 | 0,86 | 1,24 | 2,07 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D008271 | 1,53 | 1,17 | 3,69 | 7,31 | 0,00 | 0,00 | 1,30 | 1,31 | 5,04 | 4,40 | 0,00 | 0,00 |
| ZM00001D021936 | 1,10 | 4,08 | 20,50 | 31,95 | 0,00 | 0,00 | 1,28 | 2,46 | 21,99 | 20,74 | 0,00 | 0,00 |
| Genes | PHW79 (Días respecto a la FF) | | | | | | PHW79 (Días respecto a la FF) | | | | | |
| | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| ZM00001D039667 | 0,77 | 0,53 | 0,60 | 0,34 | 0,30 | 0,31 | 1,47 | 1,31 | 0,95 | 1,26 | 0,83 | 0,68 |
| ZM00001D009745 | 0,90 | 0,63 | 0,52 | 0,46 | 0,33 | 0,13 | 1,06 | 0,97 | 0,50 | 0,62 | 0,33 | 0,10 |
| ZM00001D046682 | 0,46 | 0,27 | 0,37 | 0,24 | 0,18 | 0,16 | 0,89 | 0,78 | 1,04 | 0,81 | 0,46 | 0,36 |
| ZM00001D027581 | 1,27 | 0,35 | 0,83 | 0,49 | 0,20 | 0,26 | 1,99 | 0,72 | 1,26 | 1,27 | 0,67 | 0,45 |
| ZM00001D021763 | 0,46 | 0,35 | 0,47 | 0,07 | 0,20 | 0,28 | 0,83 | 0,87 | 1,25 | 0,27 | 0,61 | 0,88 |
| ZM00001D020636 | 1,85 | 2,50 | 9,20 | 6,65 | 6,51 | 17,73 | 2,14 | 1,67 | 4,45 | 7,53 | 4,92 | 6,89 |
| ZM00001D048246 | 2,68 | 2,39 | 4,26 | 6,67 | 8,59 | 7,93 | 2,00 | 2,99 | 3,77 | 10,37 | 10,57 | 9,54 |
| ZM00001D007827 | 1,07 | 1,08 | 2,87 | 4,83 | 5,03 | 4,96 | 2,00 | 0,77 | 1,54 | 1,46 | 0,69 | 0,50 |
| ZM00001D007753 | 0,63 | 2,99 | 2,65 | 28,07 | 55,40 | 292,86 | 0,90 | 7,03 | 3,43 | 43,54 | 78,79 | 281,78 |
| ZM00001D002065 | 0,97 | 1,58 | 4,34 | 5,69 | 6,40 | 24,72 | 1,89 | 2,22 | 2,71 | 9,53 | 9,95 | 19,43 |
| ZM00001D046909 | 1,17 | 0,94 | 1,86 | 3,00 | 1,60 | 3,43 | 0,95 | 1,17 | 1,05 | 1,36 | 1,13 | 1,87 |
| ZM00001D008271 | 1,35 | 0,92 | 1,48 | 2,30 | 1,46 | 4,10 | 1,22 | 2,06 | 1,97 | 2,68 | 2,15 | 3,33 |
| ZM00001D021936 | 1,28 | 2,81 | 3,40 | 19,07 | 20,02 | 33,12 | 1,68 | 3,76 | 3,64 | 26,17 | 19,01 | 19,43 |

FF= Floración femenina



DISCUSIÓN



5 DISCUSIÓN

5.1 ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA SENESCENCIA

Este es el primer trabajo en el que se ha analizado la capacidad fotosintética de un alto número de líneas puras de maíz en diferentes momentos. Los resultados obtenidos confirmaron que en la mayoría de las líneas el stay green fue funcional. Además, se pudo observar que dentro de las líneas SG la duración de la fotosíntesis es variable.

Algunos de los parámetros relativos a caracteres fisiológicos y agronómicos evaluados en el presente trabajo, tales como la tasa fotosintética, contenido de clorofila, fluorescencia clorofílica, eficiencia fotoquímica, número de hojas verdes y el área stay green, han sido utilizados para evaluar el carácter SG durante la senescencia (Yang *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2012). Otros autores han asociado al carácter SG con varios caracteres agronómicos como mayor número de granos por mazorca (de Souza Luche *et al.*, 2013), alto índice de cosecha y rendimiento de grano (Vadez *et al.*, 2011), mayor peso del grano (Silva *et al.*, 2003) y mayor producción de biomasa (Borrell *et al.*, 2001). Incluso, Silva Alves *et al.* (2004) encontraron fuerte asociación entre el carácter SG y el contenido de glutenina (proteína). En conclusión, los caracteres usados aquí, representan a los caracteres de interés aplicados en muchos de los programas de mejoramiento, lo que aportará conocimientos para futuras investigaciones.

Los resultados presentados revelaron una disminución progresiva en el contenido de clorofila y tasa fotosintética de las líneas SG estudiadas. Éstas siguieron patrones similares dentro de cada grupo de líneas en función de su tiempo de floración; por el contrario, las líneas NSG mostraron un secado anticipado en comparación a las anteriores. En concordancia con lo expuesto, otros autores también evidenciaron la disminución del contenido de clorofila, tasa fotosintética e inclusive la fluorescencia clorofílica al analizar líneas de maíz, sorgo y algodón (Lin *et al.*, 2015; Wu *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2014b).

En este estudio, los altos valores del contenido de clorofila y fotosíntesis durante la fase final de la senescencia, así como el alto rendimiento de grano, observado en las líneas de los cuatro grupos evaluados y que presentaron SG funcional (precoz y tardío), sugieren una fuerte asociación entre los mencionados caracteres; lo cual concuerda con lo reportado en RIL de maíz y otras poblaciones segregantes evaluadas especialmente bajo condiciones limitantes de agua (Câmara *et al.*, 2007; Messmer *et al.*, 2011). Además, varios autores encontraron correlación alta y positiva ($r > 0.70$) entre la senescencia tardía o SG y el rendimiento de grano (Jordan *et al.*, 2012; Kumari *et al.*, 2007), concordando con los resultados antes mencionados.

Al comparar el rendimiento de las líneas SG entre grupos, se determinó que: las líneas SG del grupo de senescencia precoz y media presentaron un rendimiento un 21,2 y 13,3% menor que las líneas SG del grupo de senescencia tardía, respectivamente; además, las líneas SG del grupo de senescencia precoz mostraron 9,2% menos rendimiento que las líneas SG del grupo de senescencia media. Al respecto, Gasura *et al.* (2013) mostraron resultados similares a los nuestros, quienes encontraron entre el 15 y 30% menos rendimiento en genotipos de madurez precoz en comparación a los genotipos de madurez tardía.

Por otro lado, las líneas SG funcional identificadas en los cuatro grupos estudiados de forma general, así como presentaron mayor rendimiento de grano en comparación a las NSG, también mostraron alta humedad del grano. Estos resultados son similares a los obtenidos anteriormente por Bekavac *et al.* (1998), quienes encontraron correlaciones genéticas altamente significativas (0,58 y 0,73) entre los dos caracteres en las poblaciones sintéticas de maíz Syn103NS y Syn140NS, respectivamente.

Similar a los resultados obtenidos por Borrell *et al.* (2001) sobre la asociación entre el carácter SG y una mayor producción de biomasa bajo condiciones de sequía, en esta investigación se encontraron valores de rendimiento de biomasa más altos en las líneas SG funcional en comparación a las NSG en todos los grupos de líneas evaluados; mostrando además dichas líneas, mayor humedad de biomasa. Nuestros resultados sugieren que el mayor rendimiento de grano y biomasa, como los altos valores de humedad de grano y biomasa, están asociados al carácter SG.

Aunque Silva Alves *et al.* (2004) encontraron alta asociación entre el SG y el contenido de proteína (glutenina) en granos de trigo, en el presente trabajo, no se encontró dicha asociación, manteniéndose los valores tanto para líneas SG y NSG alrededor del 9%; ocurriendo la misma situación en el contenido de proteína de la biomasa, donde los dos tipos de líneas presentaron valores cercanos a 7%.

Con respecto al número de días transcurridos para el llenado del grano (desde la floración hasta la madurez fisiológica del grano), las líneas con SG funcional dentro de los cuatro grupos estudiados, mostraron mayor tiempo (entre 4 y 10 días) en relación a las líneas NSG. Este efecto también fue encontrado en los cultivares de trigo Chakwal-50 and Mairaj-2008, evaluados por Nawaz *et al.* (2013), los que presentaron mayor expresión del carácter SG y tardaron más tiempo hasta el llenado del grano bajo condiciones de estrés; lo cual también resultó en un mayor peso de grano, mayor número de granos por espiga, mayor rendimiento y mayor uso eficiente del agua. El llenado del grano, simultáneamente ocurre durante la senescencia de la hoja y cumple un rol importante en el reciclaje de nutrientes para el grano (Thomas, 2013). Estos resultados confirman lo reportado por Caicedo *et al.* (2016), quienes mencionaron que el carácter SG está fisiológicamente relacionado con el llenado del grano y este a su vez, con el rendimiento de grano y biomasa.

Posterior al llenado del grano, un período de secado del mismo en el campo o *dry down* es necesario para disminuir la humedad del grano en la cosecha, con la finalidad de reducir los costes post cosecha. Por lo tanto, el contenido de humedad del grano durante la maduración (incluido el llenado del grano) y post maduración, son factores muy importantes que influyen la cosecha y el manejo post cosecha (Maiorano *et al.*, 2014). Adicionalmente, se sabe que los genotipos que muestran mayor período de llenado del grano y además baja humedad durante la cosecha, son genotipos con muy buen *dry down*. En consecuencia, basado en lo antes expuesto, en este trabajo las líneas SG identificadas no tendrían buen *dry down*, debido a que al momento de la cosecha presentaron mayor porcentaje de humedad en el grano con respecto a las líneas NSG, lo que repercutiría en actividades adicionales post cosecha para su secado, con el consecuente aumento en los costes de producción.

Por otro lado, en este trabajo se encontró variación genética en los genotipos evaluados para todas las variables estimadas, especialmente durante el llenado de grano, en el contenido de humedad del grano y en el período de tiempo para el secado del grano (*dry down*). Resultados consistentes y similares a los antes mencionados también han sido reportados por varios investigadores de maíz (Gasura *et al.*, 2013; Yang *et al.*, 2010).

Las líneas identificadas con SGC o tipo C, en general mostraron un contenido de clorofila significativamente bajo en comparación a las líneas con SG funcional (precoz y tardío); sin embargo, estas líneas mantuvieron su coloración verde en las hojas, pero mostraron muy baja actividad fotosintética, correspondiendo con la clasificación propuesta por Thomas y Howarth (2000).

5.2 MAPEO DE QTL ASOCIADOS A LA SENESCENCIA EN UNA POBLACIÓN MULTIPARENTAL

Desde que Dell'Acqua et al. (2015) produjeron la primera población de maíz multiparental balanceada, este tipo de germoplasma ha sido utilizado para el mapeo de caracteres cuantitativos (QTL), ya que provee una alta diversidad y densidad de recombinación, lo que al final genera una alta definición en el mapeo. Debido a ello en este estudio se usó una población multiparental, a partir de la variedad sintética EPS21, para buscar genes asociados a la senescencia; aunque, en esta población ya se han identificado genes de resistencia y/o tolerancia a los taladros del maíz, así como para floración femenina y rendimiento (Jiménez Galindo, 2017); además, sirvió de entorno genético para identificar QTL relacionados con caracteres fisiológicos relacionados con la senescencia, convirtiéndose en el primer estudio sobre senescencia usando dicha población multiparental.

Los resultados de heredabilidad obtenidos en la presente investigación para el contenido de clorofila en floración femenina y dos meses después de ella (0,75 y 0,62, respectivos), fueron similares (0,66) a los obtenidos por Yang *et al.* (2017) y superiores a los valores reportados por Cai *et al.* (2012), quienes evaluaron líneas puras de maíz en condiciones normales y dosis baja de nitrógeno y fósforo (rango de 0.36 a 0.57); estas diferencias pueden deberse principalmente al genotipo de los padres, que no superaron los 57.3 puntos en el contenido de clorofila en las diferentes evaluaciones y también al tipo de población utilizada (población biparental). En cuanto a la heredabilidad del rendimiento cuántico máximo (F_v/F_m) y aspecto visual de la planta existen pocos datos obtenidos para maíz; sin embargo, Yang *et al.* (2017) obtuvieron un valor de 0,77 para F_v/F_m , siendo superior a lo estimado en este trabajo. Contrariamente, un estudio reciente en RIL de sorgo (cereal relativo al maíz) estimaron una heredabilidad para fluorescencia clorofílica de 0,15 (Sukumaran *et al.*, 2016), siendo completamente bajo en referencia a los resultados aquí obtenidos (0,58 y 0,49 en floración femenina y dos meses ddff, respectivamente), debido posiblemente a la diferencia en la arquitectura de las plantas de las dos especies y especialmente a las condiciones de estrés por sequía en las que fueron evaluadas dichas líneas. Adicionalmente, el mismo autor estimó una calificación visual del área verde de la hoja entre 1,3 y 4,6 a los 45 después de la floración en las RIL de sorgo evaluadas, correspondiendo medianamente a los valores reportados en la presente investigación al momento de la floración femenina (3,7) y dos meses ddff (1.5).

En relación a la correlación existente entre caracteres, Yang *et al.* (2017) identificaron un coeficiente de correlación entre el contenido de clorofila y F_v/F_m de 0,91; mientras que, entre el rendimiento por planta con el contenido de clorofila y F_v/F_m fueron medios (alrededor de 0,40). Estos coeficientes, comparados con nuestros resultados fueron altos (alrededor de 0,36 entre contenido de clorofila y F_v/F_m y 0,20 entre contenido de clorofila y rendimiento de grano por planta), lo que probablemente puede deberse a que la población estudiada por Yang *et al.* (2017) (población biparental), incluía como parental femenino a la línea de maíz Zheng58, la cual presentaba características de stay green funcional; mientras que, en nuestro estudio ninguna de las ocho líneas parentales mostró tal carácter. Contrario a los resultados encontrados en esta investigación, varios autores han reportado la ausencia de correlación entre caracteres relacionados con el stay green y el rendimiento (Bolanos y Edmeades, 1996; Jiang *et al.*, 2004).

En este estudio, se identificaron alrededor de 227 QTL individuales para todos los caracteres evaluados; sin embargo, de todos estos QTL detectados, basados en el número de líneas homocigotas para una variante determinada, se debe tener precaución a la hora de seleccionar dichos QTL, ya que observaciones por debajo de 58 (465 RIL/8 líneas parentales = 58 líneas) podrían generar resultados de baja confiabilidad, debido a la poca precisión en el dato (composición desigual), sugiriendo que ha existido probablemente selección natural. Por lo tanto, el total de QTL identificados para cada carácter serían reducidos. Además, en

ocasiones dos o más SNP significativos pueden formar un solo bloque de ligamiento, por lo tanto, un solo QTL. No se encontraron QTL (SNP) significativos comunes para los caracteres evaluados en floración y dos meses después de ella, sugiriendo que cada QTL actúa de manera específica en floración o en la senescencia.

Los QTL identificados en este trabajo, no han sido reportados previamente, por lo tanto, son QTL nuevos, debido principalmente a que el entorno genético estudiado también es nuevo, el cual proviene de líneas fundamentalmente lisas europeas. Estos resultados ratifican lo novedoso de este estudio, siendo el primero sobre senescencia con este entorno genético, aplicando un genotipado de alta densidad. Sin embargo, en un estudio reciente los autores reportaron en total 23 QTL para parámetros asociados al stay green en la etapa de madurez de la planta de maíz, incluyendo 6 QTL para contenido de clorofila y 9 QTL para el rendimiento cuántico máximo del fotosistema II (F_v/F_m) (Yang *et al.*, 2017). Los QTL para contenido de clorofila en aquel estudio, fueron localizados en los cromosomas 1, 4, 6, 8 y 9; mientras que, en nuestro estudio, se localizaron en los cromosomas 1, 3, 4, 5, 6, 7, 8 y 10 (en floración femenina y dos meses después de ella). Por otro lado, a diferencia de los QTL para (F_v/F_m) localizados en los cromosomas 1, 2, 3, 4, 5, 6 y 8 reportados por Yang *et al.* (2017); en este trabajo fueron localizados en los cromosomas 1, 3, 4, 6 y 10.

Se sabe que las poblaciones multiparentales y biparentales, eliminan la subestructura con respecto a los estudios de asociación. Sin embargo, al compararlas entre ellas, las poblaciones multiparentales presentan dos ventajas con respecto a las biparentales; la primera es que analizan múltiples alelos y en segundo lugar la precisión es mayor, es decir, el intervalo de confianza para la localización de los QTL es menor. Los múltiples cruzamientos en las generaciones tienen el efecto útil añadido por la introducción de múltiples recombinaciones a lo largo de los cromosomas dentro de la población, lo que se traduce en que los bloques de cromosomas heredados por cada línea son de menor tamaño en comparación con los genomas de los padres, permitiendo de esta manera desacoplar mejor los efectos de los genes ligados (Holland, 2015). Bajo este contexto, en este trabajo se encontraron bloques de ligamiento menores a 1000 Kpb en comparación con lo reportado por Dell'Acqua *et al.* (2015), quienes encontraron bloques de ligamiento mayores a 1000 Kbp.

En este estudio, se han propuesto dos genes candidatos para el carácter índice de clorofila. En primera instancia, los SNP asociados significativamente al índice de clorofila durante la floración femenina en el cromosoma 1 (S1_278163516, S1_278356935 y S1_278992401), están localizados dentro del gen candidato Zm00001d034073 (B73 RefGen_v2). Este gen es homólogo en Arabidopsis al gen WRKY57 (AT1G69310), el mismo que funciona como un punto de convergencia para el ácido jasmónico y la señalización mediada por las auxinas durante la senescencia foliar inducida por ácido jasmónico (Jiang *et al.*, 2014). Sin embargo, este gen muestra incongruencia debido a que está relacionado con la senescencia, más que con caracteres de floración, como el contenido de clorofila o fotosíntesis. Adicionalmente, el gen WRKY57 fue encontrado sobre expresándose (*up regulated*) en siete líneas de maíz, en el estudio realizado sobre expresión génica dentro de esta tesis, confirmando que el gen en mención actúa durante la senescencia foliar.

Por otro lado, los SNP asociados significativamente al índice de clorofila dos meses después de la floración femenina en el cromosoma 3 (S3_201538092, S3_201538103, S3_201538104 y S3_201538113), están localizados dentro del gen candidato Zm00001d043586 (B73 RefGen_v2). Este gen es homólogo en Arabidopsis al gen AT1G29640.1, conocido también como AtS40-1, el que ha sido descrito como un regulador de la senescencia (Fischer-Kilbiński *et al.*, 2010). Al respecto, la familia de genes *S40* han mostrado roles en la senescencia de la hoja; además, estos genes han sido identificados en

cebada (*HvS40*) y *Arabidopsis* (*AtS40-3*) inducidos durante la senescencia natural, así como también en respuesta a los tratamientos con ABA, ácido salicílico, oscuridad y en respuesta al ataque de patógenos (Jehanzeb *et al.*, 2017). En base al estudio de expresión génica realizado en esta tesis, este gen también fue encontrado sobre expresado (*up regulated*) en seis de las siete líneas estudiadas; por lo que, podría ser importante ya que está relacionado con el adelanto o retraso de la senescencia.

Como se puede evidenciar, los resultados obtenidos en el presente trabajo presentaron estricta congruencia con otros trabajos; por lo tanto, los QTL detectados mostrarían similitud con los genes candidatos seleccionados en maíz, los cuales sugieren que cumplen funciones similares a los genes homólogos de *Arabidopsis*.

5.3 ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DE LÍNEAS PURAS DE MAÍZ DURANTE LA SENESCENCIA

Este es el primer trabajo que incluye el estudio transcriptómico de siete líneas puras de maíz, las cuales presentan diferente tiempo de senescencia entre ellas; además, incluye la evaluación de caracteres fenotípicos asociados a la senescencia, a fin de profundizar el conocimiento de este complejo proceso.

5.3.1 Caracteres fenotípicos relacionados con la senescencia

Estudios previos han relacionado varios caracteres fenotípicos con la senescencia de las plantas. La disminución progresiva de los valores en los cuatro caracteres fenotípicos evaluados en este estudio correspondió a los esperados en cada etapa de la senescencia. Aunque todas las líneas mostraron floración femenina al mismo tiempo después de la siembra, el incremento en los GDEs ocurrió en diferentes momentos (Gráfico 4.15 A, B), observando grandes diferencias en el secado. En el caso de las líneas de senescencia temprana, este aumento comienza justo en el momento de la florecencia femenina; mientras que, en la línea de senescencia tardía, los genes pasan un tiempo sin expresarse y el aumento ocurre a los 45 ddff. Concomitante con nuestros resultados, la disminución en el contenido de clorofila, la tasa fotosintética y la fluorescencia clorofílica, ha sido reportado durante la etapa de senescencia de maíz, sorgo y algodón (Lin *et al.*, 2015; Wu *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2014b); también, Kante *et al.* (2016) encontraron correlaciones positivas entre los caracteres anteriores, durante la etapa de senescencia de las poblaciones de maíz. Además, en base a lo anterior, se ha confirmado que la mayoría de líneas puras de maíz evaluadas, mostraron SG funcional; debido a que estas mantuvieron su color verde y su maquinaria fotosintética estuvo funcionando activamente (Thomas y Howarth, 2000), especialmente en las líneas LS. La congruencia de los resultados obtenidos en esta investigación con los reportados, sugieren que los caracteres fenotípicos evaluados están relacionados con la fotosíntesis; además, pueden ser utilizados para la identificación de genes asociados a la senescencia (SAGs), los cuales permitirán iniciar un programa de mejoramiento para senescencia retrasada o SG.

5.3.2 Análisis comparativo de los GDEs con respecto a estudios previos

Es evidente que un número elevado de genes están involucrados durante el proceso de senescencia. Actualmente, el número de genes en el genoma de B73 RefGen_v4 es de 39324 (Jiao *et al.*, 2017) y el número total de GDEs en este estudio fue de 14190. Alrededor del 36,1% de genes de todo el genoma de maíz AGPv4, fueron identificados como genes SAGs en este estudio. A nivel individual en cada línea se identificaron como SAGs entre 13 y 23,6%. Sin embargo, solo el 4% de estos genes fueron comunes en las siete líneas evaluadas. Breeze *et al.* (2011) y Wu *et al.* (2016), identificaron como SAGs el 9,7 y 9,8% de genes de todo el genoma

de *Arabidopsis* y sorgo, respectivamente; mientras que en maíz Zhang *et al.* (2014b), encontraron 4552 GDEs desde la madurez hasta la senescencia tardía de la hoja, equivalentes al 11,6% de todo el genoma de B73 AGPv4. Comparando con nuestros datos, los porcentajes reportados son mucho menores y las grandes diferencias podrían deberse: al número de líneas involucradas en la evaluación, al número de momentos evaluados, al número total de genes identificados en cada genoma, a la variabilidad genética entre genomas y líneas, así como, a las condiciones ambientales de los ensayos de campo.

De los 1671 GDEs comunes (*up* y *down regulated*) identificados en este estudio, 758 y 977 fueron genes homólogos de los SAG de *Arabidopsis* estudiados por Breeze *et al.* (2011) y Woo *et al.* (2016), respectivamente; además, 211 genes fueron homólogos de SAGs de sorgo y arroz identificados por Wu *et al.* (2016). Por otro lado, 48 genes fueron reportados por presentar alta similitud con genes SAGs bien conocidos (Zhang *et al.*, 2014b); de estos genes, encontramos 17 SAGs comunes en nuestro experimento; confirmando que estos genes participan activamente durante el proceso de senescencia, los cuales mostraron expresión génica positiva, se expresaron desde los 15 a 60 DBS y realizan funciones similares en otras especies.

De acuerdo a la homología identificada entre los genes Zm00001d018159 (GRMZM2G103055, 15 DBS) y At4g25000, podemos inferir que este gen codifica la actividad de la amilasa A1 (AMY1) que es inducida en hojas senescentes y que está involucrada en la degradación del almidón (Doyle *et al.*, 2007). El gen Zm00001d021288 (GRMZM2G091837) conocido en *Arabidopsis* como AY850137 o ZmSGR2 (Sakuraba *et al.*, 2015), es un gen SG de la proteína 2 del cloroplasto (SGR2) inducido por la senescencia, que interactúa con el gen *non-yellowing* 1 (NYE1) (Sakuraba *et al.*, 2013); además, el gen Zm00001d015205 (GRMZM2G109070) co-regula con NYE1 (CRN1) y feofitinas (PPH) (Schelbert *et al.*, 2009); por lo tanto, ambos genes son responsables de la degradación de la clorofila. Algunos autores han sugerido a los genes WRKY como los mayores reguladores de la senescencia foliar, en nuestro estudio el gen Zm00001d028962 fue identificado como WRKY53, basado en la homología con AT4G23810 (Miao y Zentgraf, 2007), durante el proceso de senescencia del maíz. Del mismo modo, los genes Zm00001d009365 (GRMZM2G324903) y Zm00001d016664 (GRMZM2G172230) fueron identificados como SAG29 (Veyres *et al.*, 2008) y SAG15; además, el gen Zm00001d016664 fue reportado como responsable temprano de la deshidratación 1 (ERD1) por Nakabayashi *et al.* (1999). Similar a nuestros resultados, el gen Zm00001d037232 (GRMZM2G048836) también fue encontrado por Zhang *et al.* (2014b), el cual codifica una metaloproteasa durante la etapa de la senescencia; este gen es homólogo a At5g15250 (FTSH6), que está involucrado en la degradación tanto de Lhcb1 como de Lhcb3 (Wagner *et al.*, 2011). Los genes consistentes Zm00001d044396 (GRMZM2G120619) y Zm00001d044399 (GRMZM2G429955) se relacionaron directamente con la fotosíntesis a los 15 ddff en este estudio; ambos genes también fueron encontrados en *Arabidopsis* como genes B1B2 del complejo de captación de la luz del fotosistema II (AT2G34420, Lhcb1b2) (Breeze *et al.*, 2011; Woo *et al.*, 2016).

Los resultados obtenidos en el análisis GO confirmaron la complejidad del proceso de la senescencia dentro de las siete líneas endogámicas de maíz evaluadas, principalmente debido a su ciclo de vida. Sin embargo, los procesos biológicos, las funciones moleculares y los componentes celulares fueron similares a los encontrados por Zhang *et al.* (2014b) en maíz, Wu *et al.* (2016) en sorgo, Breeze *et al.* (2011) en *Arabidopsis* y Lin *et al.* (2015) en algodón; para los genes regulados negativa y positivamente. A diferencia de nuestros resultados, Breeze *et al.* (2011) en términos de componentes celulares, encontraron genes sobrerrepresentados y relacionados solamente con el plastidio y el tilacoide en los genes *down regulated*; así como, al peroxisoma y vacuola en los genes *up regulated*. En nuestro caso, durante la etapa de la

senescencia de las líneas puras de maíz, hubo cambios progresivos en los dos grupos de genes. En las etapas iniciales de senescencia (45 a 75 DBS), todas las funciones encontradas en los genes *down regulated* sugirieron que son esenciales para el crecimiento y la iniciación de procesos relacionados con la fotosíntesis, con la consecuente acumulación de metabolitos y energía; los cuales posteriormente, en la etapa de senescencia final (15 a 45 DBS) fueron usados para el dismantelamiento celular. Los genes regulados positivamente presentaron una imagen muy diferente, en las etapas iniciales de senescencia (45 a 75 DBS), mostrando actividades de defensa y protección en respuesta a los estreses generados por los procesos de degradación y el reciclaje de nutrientes; mientras que en las etapas finales de la senescencia (15 a 45 DBS), estos genes estuvieron involucrados en la regulación transduccional de sustancias orgánicas y electrones en el sumidero (reservorio de nutrientes) y la consiguiente muerte celular.

5.3.3 Dinámica transcripcional, genes co-regulados y genes afines durante la senescencia de líneas puras de maíz

Considerando que existe interacción genética, se identificaron genes que pueden estar coexpresando y/o corregulando con otros genes, durante los diferentes momentos evaluados; por lo tanto, es importante analizar los cambios progresivos que ocurren en el proceso de senescencia del maíz. En este estudio, identificamos en mayor proporción genes de regulación negativa (TFs) incluidos en las familias LSD, MICK_MADS, MYB-related y NF-YA. Los genes LSD son reguladores negativos implicados en la ruta de la muerte celular de la planta. Dietrich *et al.* (1997), reportaron que el gen LSD1 regula negativamente la ruta de la muerte celular de una planta y monitoriza una señal dependiente del superóxido. Por otro lado, los genes MADS-box en las plantas han sido reportados por estar controlando los procesos de desarrollo y reproductivos, incluyendo la formación de las flores (Nam *et al.*, 2003). Un estudio de expresión en maíz y soya realizado por Du *et al.* (2013), revelaron que el gen MYB-related tiene un amplio perfil de expresión en el desarrollo de los cultivos y desempeña un papel importante en el desarrollo y las respuestas al estrés. El gen de la familia FACTOR NUCLEAR-YA (NF-YA) es una subunidad de los TFs NF-Y, que es reclutado en el núcleo para generar la madurez (Kahle *et al.*, 2005). Además, los TFs NF-Y han demostrado roles en respuesta al ácido abscísico (ABA) (Mu *et al.*, 2013). Analizando las funciones reportadas, coinciden con la presencia y disminución de la expresión de ciertos genes durante la senescencia de las líneas de maíz, confirmando los resultados obtenidos en este estudio.

Por otro lado, se encontraron varios genes regulados positivamente incluidos en mayor proporción en las familias de TFs WRKY y NAC. Los genes WRKY han sido sugeridos como los principales reguladores de la senescencia foliar, mientras que los genes NAC juegan un papel esencial en la regulación de la senescencia. Oda-Yamamizo *et al.* (2016), encontró que el gen ANAC046 es un regulador positivo de la degradación de la clorofila y la senescencia en las hojas de Arabidopsis. Además, Zhang *et al.* (2014b) también encontró a los genes WRKY53, NAC042 y ANAC092 con regulación positiva y muy similares a los SAGs. Respecto a esto, se han detectado varios genes WRKY asociados a la senescencia y con expresión positiva, como: WRKY14 (Zm00001d026252), WRKY39 (Zm00001d045375), WRKY53 (Zm00001d028962), WRKY58 (Zm00001d041740), WRKY64 (Zm00001d044162), WRKY108 (Zm00001d007329), entre otros; así como también, genes NAC, como: NAC20 (Zm00001d038221), NAC44 (Zm00001d028999), NAC118 (Zm00001d008399) y NAC042 (Zm00001d034277). La confiabilidad de estos resultados es demostrable, en base a los genes comunes encontrados en las siete líneas puras de maíz evaluadas; además, porque algunos de estos genes ya han sido reportados en trabajos previos.

Paralelamente en los genes consistentes, se han identificado algunos genes *down regulated* incluidos dentro de las familias CO-like, GRF y ZF-HD. En Arabidopsis los genes CO (CONSTANS) participan en la regulación de la floración por fotoperiodo (Griffiths *et al.*, 2003) y, en general, actúan entre el reloj circadiano y los genes que controlan la identidad del meristema. Los genes GROWTH-REGULATING FACTOR (GRF, por sus siglas en inglés) se expresan fuertemente durante el crecimiento y desarrollo de los tejidos (por ejemplo, botones florales), pero débilmente en tejidos maduros de tallos y hojas (Kim *et al.*, 2003). Los genes ZF-HD (*zinc-finger homeodomain, subfamily proteins*), se expresan exclusivamente en tejidos florales, lo que indica un probable papel regulador durante el desarrollo floral de Arabidopsis (Tan y Irish, 2006); así como también, puede estar involucrado en la expresión génica específica del mesófilo relacionada con la fotosíntesis del fosfoenolpiruvato carboxilasa en especies C4 (Windhövel *et al.*, 2001). Por otro lado, también se detectaron genes *up regulated*, la mayoría incluidos en las familias bHLH, ERF, NAC, WRKY, C2H2 y Trihelix. Las proteínas basic/helix-loop-helix (bHLH) están involucradas en la regulación de una multiplicidad de programas transcripcionales (Toledo-Ortiz *et al.*, 2003), incluyendo la fotosíntesis, señalización de la luz, biosíntesis de pigmentos y desarrollo de vainas de semillas (Hudson y Hudson, 2015). Los factores de respuesta al etileno (AP2/ERF) son proteínas reguladoras implicadas en el control del metabolismo (primario y secundario), programas de crecimiento y desarrollo, así como respuestas a estímulos ambientales (Licausi *et al.*, 2013). Las proteínas C2H2 zinc-finger, son muy importantes durante el desarrollo de la planta, especialmente en la organogénesis floral, iniciación de la hoja, iniciación de brotes laterales, gametogénesis y desarrollo de las semillas (Chrispeels *et al.*, 2000). Las funciones de los TFs Trihelix (helix-loop-helix-loop-helix) o factores GT involucran respuestas a los estreses ocasionados por la sal y patógenos, al desarrollo de órganos de perianto, tricomas, estomas y la capa de abscisión de las semillas, además de la regulación de la embriogénesis tardía (Kaplan-Levy *et al.*, 2012). Esta información sugiere que los TFs *down* y *up* cumplen completamente con lo reportado por los autores antes mencionados. Por lo tanto, podemos concluir que los TFs *down regulated* realizan funciones represivas del desarrollo floral; mientras que los TFs *up regulated*, cumplen funciones relacionadas con la gametogénesis, el desarrollo del saco embrionario, el desarrollo de las semillas y la represión de los represores del desarrollo estomático.

Los TFs regulan la expresión génica a través de la unión a elementos *cis* (secuencias reguladoras específicas) en los promotores de sus genes diana (Franco-Zorrilla *et al.*, 2014). En el presente estudio, se han identificado varios patrones de nucleótidos específicos asociados con los TFs (sitios de unión) que regulan la abundancia de los transcritos (Stewart *et al.*, 2012). Como ya se mencionó, una alta proporción de familias de TFs fueron identificadas en los genes *down* y *up regulated*; por lo cual, asumimos la presencia de algunos sitios de unión asociados con estos TFs. Las proteínas de los genes NAC se pueden unir a un elemento *cis* que contiene el motivo CATGTG (Tran *et al.*, 2004); además, los TFs pertenecientes a la familia NAC y zinc finger homeodomain (ZF-HD) desempeñan un papel importante para la activación del gen EARLY RESPONSIVE TO DESHIDRATACIÓN 1 (ERD1) (Tran *et al.*, 2007), en nuestro caso el gen Zm00001d016664 (GRMZM2G172230)) identificado como SAG15 (homólogo de AT5G51070), necesita estos TFs para su activación (Nakabayashi *et al.*, 1999). Estudios de caracterización estructural han revelado similitudes entre las proteínas NAC y la familia TFs WRKY (Welner *et al.*, 2016). Los TFs WRKY comparten estructuralmente un importante motivo de unión con el Zn, el cual está ausente en las proteínas NAC; sin embargo, Mitsuda *et al.* (2004) identificaron en Arabidopsis TFs de tipo Zn finger con secuencia similar a los dominios NAC. Las proteínas WRKY de Arabidopsis están ligadas a una familia específica de plantas de TFs del tipo zinc-finger, que participan en la regulación de la expresión génica

durante la defensa contra patógenos, la curación de heridas, el desarrollo de tricomas y la senescencia. Liu *et al.* (2016), reportaron que los motivos W-box están relacionados con las proteínas WRKY, mientras que los G-box están relacionados con las proteínas bZIP, bHLH, los que desempeñan papeles importantes en la regulación de la ruta de activación de la senescencia foliar. La proteína WRKY53 detectada en nuestro estudio podría unirse a diferentes promotores y actuar como activador transcripcional o represor de las W-box (Miao *et al.*, 2004). A diferencia de lo reportado por Liu *et al.* (2016), quienes identificaron 47 genes *up regulated* durante la senescencia de la hoja bandera de arroz codificando a proteínas WRKY, las cuales son consideradas factores de unión de W-box; en esta investigación, se identificaron nueve W-box en los siguientes genes regulados negativamente: Zm00001d048008, Zm00001d038648, Zm00001d019479, Zm00001d021763, Zm00001d001857, Zm00001d038365, Zm00001d003563, Zm00001d040210 y Zm00001d023536; probablemente debido a mutaciones que ocurren en tales genes o por nuevas interacciones génicas. Respecto a esto, Xie *et al.* (2014) encontró senescencia prematura cuando el gen WRKY53 se sobre expresa, mientras que su mutante (*wrky53*) mostró senescencia retrasada. Cai *et al.* (2014), sugirieron que WRKY58 puede funcionar como una proteína de unión a calmodulina, interactuando con el gen ZmCaM2; y puede actuar como un regulador positivo involucrado en la respuesta al estrés; por lo tanto, este gen identificado en el presente trabajo actuaría de esta manera. De forma concomitante con los resultados obtenidos, estudios previos han encontrado genes *up* y *down regulated* durante la senescencia codificando TFs incluidos en las familias WRKY, bZIP, NAC, MYB y bHLH. Por otro lado, Downs *et al.* (2014), encontró cuatro motivos (AACCAA, ACGTGGCG, ACGT, CATG) en maíz. Estos motivos también fueron detectados en los promotores de la presente investigación. El motivo AACCAA está asociado con genes nucleares que codifican la captación de la luz de las proteínas a y b de la clorofila del fotosistema II (Degenhardt y Tobin, 1996), encontrado en el gen promotor *down regulated* Zm00001d030038 (GRMZM2G361902); sorprendentemente, este motivo también fue identificado en 36 genes promotores *up regulated*, que no fueron asociados con la fotosíntesis, tales como: Zm00001d002035 (GRMZM2G032977) ligado al proceso biosintético de la prolina, Zm00001d028004 (GRMZM2G464393) responsable de la unión de iones de metal de transición y Zm00001d027861 (GRMZM2G124353) asociado a la actividad catalítica. Los motivos ACGT, se unen preferiblemente a proteínas bZIP (Foster *et al.*, 1994), y pueden interactuar con otros motivos, tales como: caja de prolina, motivos GCN4 y AACA; todos juntos son responsables de la expresión específica del gen que almacena la proteína en el endospermo de la semilla de los granos, como el arroz (Takaiwa y Onodera, 2007). Los motivos ACGT fueron identificados en este estudio en varios genes promotores regulados positivamente, los cuales se enfocaron en términos de GO en la traducción de reservorios de nutrientes. Por otro lado, curiosamente dentro de los genes regulados negativamente, se encontraron algunos pares de TF-TFBS que afectaron a varios genes diana, los mismos que cumplen funciones similares; por ejemplo, el TF Zm00001d053988 (GRMZM2G361611) (homólogo de Arabidopsis ATB2) unido a varios genes diana, tales como: Zm00001d007267, Zm00001d02190, Zm00001d029049, Zm00001d033719, Zm00001d048998, Zm00001d044396 y Zm00001d044399, están relacionados con la captación de la luz por el fotosistema I, II y la unión de proteínas de la clorofila a/b (Rook *et al.*, 1998; Wiese *et al.*, 2004; Yu *et al.*, 2015); los cuales expresaron un mayor efecto especialmente a 45 DBS. Por el contrario, dentro de los genes *up regulated* hubieron TFs que controlan diferentes genes diana, que cumplen diferentes funciones. Por ejemplo: el TF Zm00001d013849 regula positivamente a los genes Zm00001d009631, Zm00001d002847 y Zm00001d044389; los cuales están involucrados en la síntesis de ácidos nucleicos (unión NADP, proteína de la familia CAD

sintasa), así como en respuesta a los estreses, incluyendo la salinidad, deshidratación, glucosa, bajo contenido de potasio y ABA (Zhang *et al.*, 2016; Zhao *et al.*, 2009). Otros TFs importantes fueron Zm00001d044162 (homólogo de Arabidopsis AtHB7) (Ré *et al.*, 2014), Zm00001d052543, Zm00001d021268, Zm00001d047554, Zm00001d021818 (AT3G15510) (Balazadeh *et al.*, 2010); que están vinculados a genes diana y han sido reportados por varios autores implicados en la actividad monooxigenasa de oxidación-reducción del citocromo P450 [Zm00001d007180 (AT5G24910, CYP714A1) (Nomura *et al.*, 2013), Zm00001d006947 (AT2G46950, CYP709B2, CYP709B3) (Mao *et al.*, 2013), Zm00001d029688 (AT2G45510, CYP704A2) (Li *et al.*, 2010a)]; también con el procesamiento tilacoidal de la peptidasa 1 cloroplástica [Zm00001d026703 (AT1G06870) (Hsu *et al.*, 2011)] y finalmente con la ruta metabólica de la biosíntesis de los fenilpropanoides [Zm00001d012510 (AT2G30490 CINNAMATE 4-HYDROXYLASE) (Schilmiller *et al.*, 2009)]. Toda esta información, evidencia que tanto en Arabidopsis como en el maíz existen varios genes comunes durante la etapa de la senescencia; aunque estas especies son evolutivamente distantes y presentan diferentes ciclos de vida.

Adicionalmente, se han identificado varios motivos en la plataforma PLANTPAN 2.0, relacionados con la senescencia. Los motivos ABREAZMRAB28 y ABREBZMRAB28 o elementos sensibles al ácido abscísico (ABA) (ABRE A, B), encontrados en el gen de maíz rab28; son activadores transcripcionales de VIVIPAROUS1, y están involucrados en el desarrollo del embrión y la semilla, así como también, en la respuesta a estreses ambientales como la desecación y el frío (Busk y Pagès, 1997, 1998). Los motivos núcleo ABRE (CATG) fueron asociados con la formación del pendón en el maíz (Downs *et al.*, 2013); sin embargo, Eveland *et al.* (2014) detectaron a estos motivos implicados en la determinación del meristema del par de espiguillas en el pendón del maíz. En el presente experimento, encontramos varios motivos ABRE tanto en genes *down* y *up regulated*, implicados en diferentes funciones desde los 15 hasta los 60 DBS, incluyendo la formación del pendón, el desarrollo del embrión y el desarrollo de la semilla de maíz. Los motivos ANAERO1, 2 y 3 CONCENSOS, están en 13 promotores de genes anaeróbicos que codifican las enzimas involucradas en la glicólisis y la fermentación (Mohanty *et al.*, 2005). Los motivos DOFCOREZM son proteínas de ADN unidas con otras de tipo FINGER (DOF) que actúan como TFs únicos en las plantas. Estas proteínas son proteínas de unión del ADN, con presumiblemente solo con un zinc finger (Yanagisawa, 2000); en maíz se han notificado cuatro proteínas DOF (DOF 1, 2, 3 y PBF o dominio DOF), el PBF de maíz activa el promotor del gen gamma-zeína (gammaZ) en semillas de maíz en desarrollo, también ha sido detectado en el citosol del endospermo amiláceo de células recientemente diferenciadas de las células hijas de la aleurona, donde la gamma-zeína estuvo ausente (Marzábal *et al.*, 2008). Con respecto a esto, en este estudio encontramos el gen Zm00001d044495 (GRMZM2G093032) como un gen GAMMA VACUOLAR PROCESSING ENZYME (GAMMA-VPE), que también fue reportado por Zhang *et al.* (2014b) como gen SAG. Además, DOF1 potencia la transcripción de la kinasa citosólica ortofosfato (CyPPDK) y de un gen PEPC no fotosintético; mientras que DOF2 suprimió el promotor C4PEPC (Yanagisawa, 2000). Los motivos DRE1COREZMRAB17 (DRE1) se encontraron en el gen rab17 del maíz, que se expresa durante la embriogénesis tardía y es inducido por el ABA (Kizis, 2002). Lai *et al.* (2012) reportaron el motivo CIRCADIAN CLOCK ASSOCIATED 1 (CCA1) o EveningElement, como un regulador transcripcional de los genes sensibles a ROS (especies reactivas al oxígeno), así como a la homeostasis de ROS y a la tolerancia al estrés oxidativo; sugiriendo que los genes *down regulated* Zm00001d049543 y Zm00001d024547 están relacionados con estas funciones. La proteína MYB4 codifica una proteína R2R3 MYB, que es un regulador secundario de la pared celular de Arabidopsis, álamo, arroz, maíz y switchgrass

(Zhao y Bartley, 2014); además, a nivel proteico participa en la fosforilación durante la regulación de la síntesis de la pared (Zhang *et al.*, 2014a). La presencia de proteínas MYB4 tanto en los genes *down* y *up regulated* en nuestra investigación, muestran concordancia con los estudios previos reportados. Es decir, los genes *down regulated* realizan funciones relacionadas con el desarrollo celular, mientras que los genes *up regulated* actúan en actividades enzimáticas. Desde el punto de vista del fitomejoramiento, la regulación de la pared celular es muy importante para el desarrollo de cultivos de doble propósito, es decir, grano para alimento humano y animal y los desechos vegetales para bioenergía. El motivo L1-box en Arabidopsis es una secuencia promotora localizada en el gen de la lipasa (LIP1), el cual es expresado específicamente en la epidermis. L1-box media la transcripción inducida por la giberelina (GA); que es requerido para la expresión génica epidermal y la germinación de la semilla (Rombolá-Caldentey *et al.*, 2014). El motivo Z-box es uno de los elementos sensibles a la luz (Gangappa *et al.*, 2013), que interactúa con el TF de Arabidopsis CAM7 (Calmodulin7, AtCaM7) (Kumar *et al.*, 2016); este TF regula la expresión génica de la luz del TF bajo condiciones variantes de luz y también está implicado en la respuesta al estrés inducido por el ABA (Abbas y Chattopadhyay, 2014). Estos datos sugieren que existe una regulación positiva entre el gen Zm00001d040324 (GRMZM2G368388) cuando interactúa con el motivo Z-box en respuesta al estrés causado por la luz y el ABA. Los motivos GCC-box son secuencias núcleo y en Arabidopsis son conocidos como MPK6; que es el grupo A de la cascada de la proteína kinasa activada por mitógeno (MAPK), que están implicadas en diversas respuestas al estrés biótico y abiótico, respuestas hormonales y procesos de desarrollo (Nakagami *et al.*, 2005). Un estudio reciente en Arabidopsis demostró la importancia de la ruta de señalización de MPK6-ORE3-EIN3-ORE9 durante la regulación de la senescencia de las hojas, así como del mecanismo del metil jasmonato (MeJA) para promover la senescencia foliar (Zhang *et al.*, 2015). MPK6 también induce la activación directa de genes sensibles al etileno, tales como ORE3 (ORESARA3)/EIN2 (ETILENO INSENSIBLE2) y EIN3 (ETILENO INSENSIBLE3) (Ouaked *et al.*, 2003). En este contexto, los genes Zm00001d045311 (GRMZM2G103137) y Zm00001d047758 (GRMZM2G053987) estarían relacionados con lo antes mencionado, sugiriendo que estos genes participan activamente en esos procesos. Similar a nuestros resultados, Zhang *et al.* (2014b) también encontró dos SAGs *up regulated* (GRMZM2G007848 y GRMZM2G084347) como MPK6.



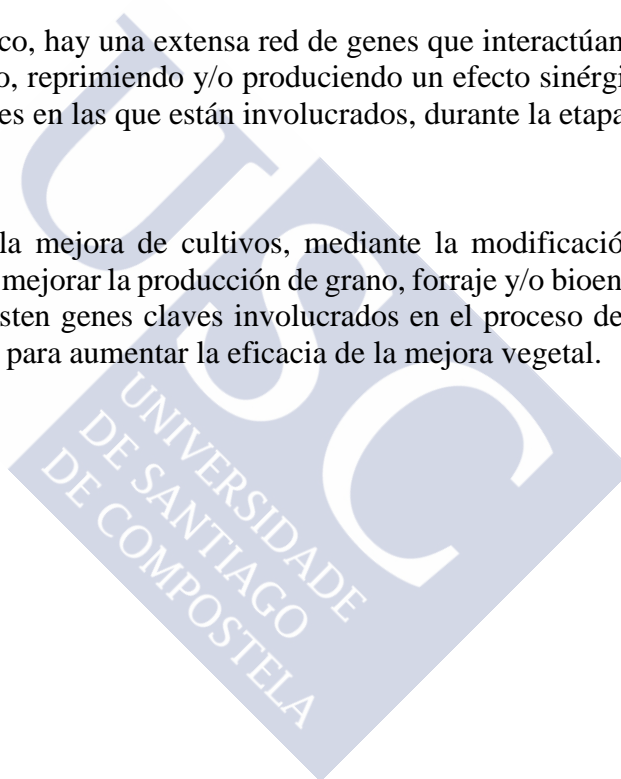


CONCLUSIONES



6 CONCLUSIONES

- 6.1 La duración de la actividad fotosintética varió entre líneas y el SG funcional fue el tipo predominante en las líneas puras de maíz templado. La mayor duración de la actividad fotosintética incrementa el rendimiento de grano y biomasa, así como la duración del llenado del grano y la humedad del grano y de la biomasa.
- 6.2 El carácter SG está controlado por múltiples genes de efecto menor. El gen Zm00001d043586 fue particularmente importante, ya que explica los diferentes ritmos de velocidad con que sucede la senescencia.
- 6.3 A nivel transcriptómico, hay una extensa red de genes que interactúan conjuntamente, los cuales están activando, reprimiendo y/o produciendo un efecto sinérgico o antagonista en las diferentes funciones en las que están involucrados, durante la etapa de la senescencia.
- 6.4 Desde el ámbito de la mejora de cultivos, mediante la modificación del tiempo de la senescencia se podría mejorar la producción de grano, forraje y/o bioenergía. Mientras que, a nivel molecular existen genes claves involucrados en el proceso de la senescencia que podrían ser utilizados para aumentar la eficacia de la mejora vegetal.







BIBLIOGRAFÍA



7 BIBLIOGRAFÍA

- Abbas, N., y Chattopadhyay, S. (2014). CAM7 and HY5 genetically interact to regulate root growth and abscisic acid responses. *Plant signaling & behavior* **9**, e29763.
- Acharya, K., Dutta, A. K., y Pradhan, P. (2011). 'Bipolaris sorokiniana'(Sacc.) Shoem.: The most destructive wheat fungal pathogen in the warmer areas. *Australian journal of crop science* **5**, 1064.
- Al-Karaki, G. N. (2012). Phenological development-yield relationships in durum wheat cultivars under late-season high-temperature stress in a semiarid environment. *ISRN agronomy* **2012**.
- Anders, S., McCarthy, D. J., Chen, Y., Okoniewski, M., Smyth, G. K., Huber, W., y Robinson, M. D. (2013). Count-based differential expression analysis of RNA sequencing data using R and Bioconductor. *Nature protocols* **8**, 1765-1786.
- Anders, S., Pyl, P. T., y Huber, W. (2015). HTSeq—a Python framework to work with high-throughput sequencing data. *Bioinformatics* **31**, 166-169.
- Andorf, C. M., Cannon, E. K., Portwood, J. L., Gardiner, J. M., Harper, L. C., Schaeffer, M. L., Braun, B. L., Campbell, D. A., Vinnakota, A. G., y Sribalasu, V. V. (2015). MaizeGDB update: new tools, data and interface for the maize model organism database. *Nucleic acids research* **44**, D1195-D1201.
- Andrews, S. (2017). FastQC A Quality Control tool for High Throughput Sequence Data. <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>.
- Ansari, M. I., y Chen, S.-C. G. (2011). Leaf senescence—An overview. *International Journal of Recent Trends in Science and Technology* **1**, 110-114.
- Antonietta, M., Fanello, D., Acciaresi, H., y Guamet, J. (2014). Senescence and yield responses to plant density in stay green and earlier-senescing maize hybrids from Argentina. *Field Crops Research* **155**, 111-119.
- Badu-Apraku, B., Akinwale, R. O., Franco, J., y Oyekunle, M. (2012). Assessment of Reliability of Secondary Traits in Selecting for Improved Grain Yield in Drought and Low-Nitrogen Environments. *Crop Science* **52**, 2050-2062.
- Bailey, T. L., y Elkan, C. (1994). Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in bipolymers.
- Balazadeh, S., Siddiqui, H., Allu, A. D., Matallana-Ramirez, L. P., Caldana, C., Mehrnia, M., Zanor, M.-I., Köhler, B., y Mueller-Roeber, B. (2010). A gene regulatory network controlled by the NAC transcription factor ANAC092/AtNAC2/ORE1 during salt-promoted senescence. *The Plant Journal* **62**, 250-264.
- Barrett, J. C. (2009). Haploview: Visualization and analysis of SNP genotype data. *Cold Spring Harbor Protocols* **2009**, pdb. ip71.
- Barrett, J. C., Fry, B., Maller, J., y Daly, M. J. (2004). Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics* **21**, 263-265.
- Barry, C. S., McQuinn, R. P., Chung, M.-Y., Besuden, A., y Giovannoni, J. J. (2008). Amino acid substitutions in homologs of the STAY-GREEN protein are responsible for the green-flesh and chlorophyll retainer mutations of tomato and pepper. *Plant Physiology* **147**, 179-187.
- Bekavac, G., Stojaković, M., Jocković, D., Boćanski, J., y Purar, B. (1998). Path analysis of stay-green trait in maize. *Cereal research communications*, 161-167.
- Belícuas, P. R., Aguiar, A. M., Bento, D. A. V., Câmara, T. M. M., y Souza Junior, C. L. (2014). Inheritance of the stay-green trait in tropical maize. *Euphytica* **198**, 163-173.

- Benjamini, Y., y Hochberg, Y. (1995). Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the royal statistical society. Series B (Methodological)*, 289-300.
- Bensch, M. (1995). *Stenocarpella maydis* (Berk.) Sutton colonization of maize ears. *Journal of Phytopathology* **143**, 597-599.
- Bogard, M., Jourdan, M., Allard, V., Martre, P., Perretant, M. R., Ravel, C., Heumez, E., Orford, S., Snape, J., y Griffiths, S. (2011). Anthesis date mainly explained correlations between post-anthesis leaf senescence, grain yield, and grain protein concentration in a winter wheat population segregating for flowering time QTLs. *Journal of Experimental Botany* **62**, 3621-3636.
- Bolanos, J., y Edmeades, G. (1996). The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. *Field Crops Research* **48**, 65-80.
- Borrell, A., Hammer, G., y Van Oosterom, E. (2001). Stay-green: A consequence of the balance between supply and demand for nitrogen during grain filling? *Annals of Applied Biology* **138**, 91-95.
- Borrell, A. K., Hammer, G. L., y Henzell, R. G. (2000). Does Maintaining Green Leaf Area in Sorghum Improve Yield under Drought? II. Dry Matter Production and Yield. *Crop Science* **40**.
- Borrell, A. K., Mullet, J. E., George-Jaeggli, B., van Oosterom, E. J., Hammer, G. L., Klein, P. E., y Jordan, D. R. (2014). Drought adaptation of stay-green sorghum is associated with canopy development, leaf anatomy, root growth, and water uptake. *Journal of Experimental Botany*.
- Bradbury, P. J., Zhang, Z., Kroon, D. E., Casstevens, T. M., Ramdoss, Y., y Buckler, E. S. (2007). TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* **23**, 2633-2635.
- Bradstreet, R. B. (1954). Kjeldahl method for organic nitrogen. *Analytical Chemistry* **26**, 185-187.
- Breeze, E., Harrison, E., McHattie, S., Hughes, L., Hickman, R., Hill, C., Kiddle, S., Kim, Y.-s., Penfold, C. A., y Jenkins, D. (2011). High-resolution temporal profiling of transcripts during Arabidopsis leaf senescence reveals a distinct chronology of processes and regulation. *The Plant Cell* **23**, 873-894.
- Buchanan-Wollaston, V., Earl, S., Harrison, E., Mathas, E., Navabpour, S., Page, T., y Pink, D. (2003). The molecular analysis of leaf senescence – a genomics approach. *Plant Biotechnology Journal* **1**, 3-22.
- Burgess, M. G., Rush, C., Piccinni, G., y Schuster, G. (2002). Relationship between charcoal rot, the stay-green trait, and irrigation in grain sorghum. *Phytopathology* **92**, S10.
- Busk, P. K., y Pagès, M. (1997). Protein binding to the abscisic acid-responsive element is independent of VIVIPAROUS1 in vivo. *The Plant Cell* **9**, 2261-2270.
- Busk, P. K., y Pagès, M. (1998). Regulation of abscisic acid-induced transcription. *Plant molecular biology* **37**, 425-435.
- Butrón, A., Revilla, P., Romay, M., Ordás, A., y Malvar, R. (2009). Causes of agronomic differences between synthetics developed by the random and convergent cross methods. *Field crops research* **110**, 229-234.
- Butrón, A., Tarrio, R., Revilla, P., Malvar, R., y Ordás, A. (2003). Molecular evaluation of two methods for developing maize synthetic varieties. *Molecular Breeding* **12**, 329-333.
- Cai, H., Chu, Q., Yuan, L., Liu, J., Chen, X., Chen, F., Mi, G., y Zhang, F. (2012). Identification of quantitative trait loci for leaf area and chlorophyll content in maize (*Zea mays*) under low nitrogen and low phosphorus supply. *Molecular Breeding* **30**, 251-266.

- Cai, R., Zhao, Y., Wang, Y., Lin, Y., Peng, X., Li, Q., Chang, Y., Jiang, H., Xiang, Y., y Cheng, B. (2014). Overexpression of a maize WRKY58 gene enhances drought and salt tolerance in transgenic rice. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* **119**, 565-577.
- Caicedo, M., Barros, J., y Ordás, B. (2016). Redefining Agricultural Residues as Bioenergy Feedstocks. *Materials* **9**, 635.
- Câmara, T. M. M., Bento, D. A. V., Alves, G. F., Santos, M. F., Moreira, J. U. V., y Souza Júnior, C. L. d. (2007). Genetic parameters of drought tolerance related traits in tropical maize. *Bragantia* **66**, 595-603.
- Camus-Kulandaivelu, L., Veyrieras, J.-B., Madur, D., Combes, V., Fourmann, M., Barraud, S., Dubreuil, P., Gouesnard, B., Manicacci, D., y Charcosset, A. (2006). Maize adaptation to temperate climate: relationship between population structure and polymorphism in the Dwarf8 gene. *Genetics* **172**, 2449-2463.
- Carena, M. J. (2005). Maize commercial hybrids compared to improved population hybrids for grain yield and agronomic performance. *Euphytica* **141**, 201-208.
- Carlone, M. (1998). Inbred corn line ZSO1172. Google Patents.
- Ceppi, D., Sala, M., Gentinetta, E., Verderio, A., y Motto, M. (1987). Genotype-Dependent Leaf Senescence in Maize Inheritance and effects of pollination-prevention. *Plant physiology* **85**, 720-725.
- Clarke, N. D., y Granek, J. A. (2003). Rank order metrics for quantifying the association of sequence features with gene regulation. *Bioinformatics* **19**, 212-218.
- Clifton-Brown, J. C., Lewandowski, I., Bangerth, F., y Jones, M. B. (2002). Comparative responses to water stress in stay-green, rapid- and slow senescing genotypes of the biomass crop, Miscanthus. *New Phytologist* **154**, 335-345.
- Combe, L., y Escobar-Gutierrez, A. J. (2009). Sénescence d'un pied de maïs: evolution de la floraison à la récolte. *Botany* **87**, 1036-1053.
- Costa, E. F. N., Santos, M. F., Moro, G. V., Alves, G. F., y Souza Júnior, C. L. d. (2008). Inheritance of the delayed senescence in maize. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **43**, 207-213.
- Cukadar-Olmedo, B., Miller, J., y Hammond, J. (1997). Combining ability of the stay green trait and seed moisture content in sunflower. *Crop science* **37**, 378-382.
- Chaerle, L., Leinonen, I., Jones, H. G., y Van Der Straeten, D. (2007). Monitoring and screening plant populations with combined thermal and chlorophyll fluorescence imaging. *Journal of Experimental Botany* **58**, 773-784.
- Chen, J., Liang, Y., Hu, X., Wang, X., Tan, F., Zhang, H., Ren, Z., y Luo, P. (2010). Physiological characterization of 'stay green' wheat cultivars during the grain filling stage under field growing conditions. *Acta physiologiae plantarum* **32**, 875-882.
- Choi, K., Lee, H., Park, S., Chin, M., y Park, K. (1994). Stay-green characteristics and characters related to stay-green in maize inbred lines. *RDA Journal of Agricultural Science, Upland & Industrial Crops* **36**, 127-134.
- Chow, C.-N., Zheng, H.-Q., Wu, N.-Y., Chien, C.-H., Huang, H.-D., Lee, T.-Y., Chiang-Hsieh, Y.-F., Hou, P.-F., Yang, T.-Y., y Chang, W.-C. (2016). PlantPAN 2.0: an update of plant promoter analysis navigator for reconstructing transcriptional regulatory networks in plants. *Nucleic acids research* **44**, D1154-D1160.
- Chrispeels, H. E., Oettinger, H., Janvier, N., y Tague, B. W. (2000). AtZFP1, encoding Arabidopsis thaliana C2H2 zinc-finger protein 1, is expressed downstream of photomorphogenic activation. *Plant molecular biology* **42**, 279-290.

- De la Vega, A., Cantore, M., Sposaro, M., Trápani, N., Pereira, M. L., y Hall, A. (2011). Canopy stay-green and yield in non-stressed sunflower. *Field Crops Research* **121**, 175-185.
- de Souza Luche, H., da Silva, J. A. G., Nörnberg, R., da Silveira, S. F. S., Baretta, D., Groli, E. L., da Maia, L. C., y de Oliveira, A. C. (2013). Desempenho per se e parâmetros genéticos de linhagens de trigo com expressão do caráter "stay-green". *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **48**, 167-173.
- Degenhardt, J., y Tobin, E. M. (1996). A DNA binding activity for one of two closely defined phytochrome regulatory elements in an Lhcb promoter is more abundant in etiolated than in green plants. *The Plant Cell* **8**, 31-41.
- Dell'Acqua, M., Gatti, D. M., Pea, G., Cattonaro, F., Coppens, F., Magris, G., Hlaing, A. L., Aung, H. H., Nelissen, H., Baute, J., Frascaroli, E., Churchill, G. A., Inzé, D., Morgante, M., y Pè, M. E. (2015). Genetic properties of the MAGIC maize population: a new platform for high definition QTL mapping in *Zea mays*. *Genome Biology* **16**, 167.
- Derkx, A. P., Orford, S., Griffiths, S., Foulkes, M. J., y Hawkesford, M. J. (2012). Identification of Differentially Senescing Mutants of Wheat and Impacts on Yield, Biomass and Nitrogen Partitioning. *Journal of Integrative Plant Biology* **54**, 555-566.
- Dhliwayo, T., Pixley, K., Menkir, A., y Warburton, M. (2009). Combining ability, genetic distances, and heterosis among elite CIMMYT and IITA tropical maize inbred lines. *Crop science* **49**, 1201-1210.
- Dietrich, R. A., Richberg, M. H., Schmidt, R., Dean, C., y Dangel, J. L. (1997). A novel zinc finger protein is encoded by the Arabidopsis LSD1 gene and functions as a negative regulator of plant cell death. *Cell* **88**, 685-694.
- Dong, H., Li, W., Eneji, A. E., y Zhang, D. (2012). Nitrogen rate and plant density effects on yield and late-season leaf senescence of cotton raised on a saline field. *Field Crops Research* **126**, 137-144.
- Downs, G. S., Bi, Y.-M., Colasanti, J., Wu, W., Chen, X., Zhu, T., Rothstein, S. J., y Lukens, L. (2013). A developmental transcriptional network for *Zea mays* defines coexpression modules. *Plant physiology*, pp. 112.213231.
- Downs, G. S., Liseron-Monfils, C., y Lukens, L. N. (2014). Regulatory motifs identified from a maize developmental coexpression network. *Genome* **57**, 181-184.
- Doyle, E. A., Lane, A. M., Sides, J. M., Mudgett, M. B., y Monroe, J. D. (2007). An α -amylase (At4g25000) in Arabidopsis leaves is secreted and induced by biotic and abiotic stress. *Plant, cell & environment* **30**, 388-398.
- Du, H., Wang, Y.-B., Xie, Y., Liang, Z., Jiang, S.-J., Zhang, S.-S., Huang, Y.-B., y Tang, Y.-X. (2013). Genome-Wide Identification and Evolutionary and Expression Analyses of MYB-Related Genes in Land Plants. *DNA Research* **20**, 437-448.
- Duvick, D. N. (2005). The Contribution of Breeding to Yield Advances in maize (*Zea mays* L.). In "Advances in Agronomy", Vol. Volume 86, pp. 83-145. Academic Press.
- Duvick, D. N., y Cassman, K. G. (1999). Post-green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North-Central United States. *Crop Science* **39**, 1622-1630.
- Edmeades, G. O., McMaster, G. S., White, J. W., y Campos, H. (2004). Genomics and the physiologist: bridging the gap between genes and crop response. *Field Crops Research* **90**, 5-18.
- Edwards, K. D., Sanchez-Tamburrino, J. P., y Humphry, M. (2012). "Advances in plant senescence," INTECH Open Access Publisher.
- Escobar-Gutiérrez, A. J., y Combe, L. (2012). Senescence in field-grown maize: From flowering to harvest. *Field Crops Research* **134**, 47-58.

- Eveland, A. L., Goldshmidt, A., Pautler, M., Morohashi, K., Liseron-Monfils, C., Lewis, M. W., Kumari, S., Hiraga, S., Yang, F., y Unger-Wallace, E. (2014). Regulatory modules controlling maize inflorescence architecture. *Genome research* **24**, 431-443.
- FAOSTAT (2018). Statistical database. Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO. Disponible en: <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC>. Acceso: Febrero 2018.
- Filichkin, S. A., Priest, H. D., Givan, S. A., Shen, R., Bryant, D. W., Fox, S. E., Wong, W.-K., y Mockler, T. C. (2010). Genome-wide mapping of alternative splicing in *Arabidopsis thaliana*. *Genome research* **20**, 45-58.
- Fischer-Kilbienski, I., Miao, Y., Roitsch, T., Zschiesche, W., Humbeck, K., y Krupinska, K. (2010). Nuclear targeted AtS40 modulates senescence associated gene expression in *Arabidopsis thaliana* during natural development and in darkness. *Plant molecular biology* **73**, 379-390.
- Foster, R., Izawa, T., y Chua, N. (1994). Plant bZIP proteins gather at ACGT elements. *The FASEB journal* **8**, 192-200.
- Franco-Zorrilla, J. M., López-Vidriero, I., Carrasco, J. L., Godoy, M., Vera, P., y Solano, R. (2014). DNA-binding specificities of plant transcription factors and their potential to define target genes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **111**, 2367-2372.
- Gangappa, S. N., Maurya, J. P., Yadav, V., y Chattopadhyay, S. (2013). The regulation of the Z-and G-box containing promoters by light signaling components, SPA1 and MYC2, in *Arabidopsis*. *PloS one* **8**, e62194.
- Gasura, E., Setimela, P., Edema, R., Gibson, P. T., Okori, P., y Tarekegne, A. (2013). Exploiting grain-filling rate and effective grain-filling duration to improve grain yield of early-maturing maize. *Crop Science* **53**, 2295-2303.
- Geadelmann, J. (1998). Inbred corn line LH290. Google Patents.
- Gentleman, R. C., Carey, V. J., Bates, D. M., Bolstad, B., Dettling, M., Dudoit, S., Ellis, B., Gautier, L., Ge, Y., y Gentry, J. (2004). Bioconductor: open software development for computational biology and bioinformatics. *Genome biology* **5**, R80.
- Gómez-Lobato, M. E., Mansilla, S. A., Civello, P. M., y Martínez, G. A. (2014). Expression of Stay-Green encoding gene (BoSGR) during postharvest senescence of broccoli. *Postharvest Biology and Technology* **95**, 88-94.
- Gong, A. H., Zhang, J., Gao, J. F., Lu, J. A., y Wang, J. R. (2005). Slow export of photoassimilate from stay-green leaves during late grain-filling stage in hybrid winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Agronomy and Crop Science* **191**, 292-299.
- Goodman, M. M. (1999). Broadening the genetic diversity in maize breeding by use of exotic germplasm. *The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*, 139-148.
- Gous, P. W., Hickey, L., Christopher, J. T., Franckowiak, J., y Fox, G. P. (2016). Discovery of QTL for stay-green and heat-stress in barley (*Hordeum vulgare*) grown under simulated abiotic stress conditions. *Euphytica* **207**, 305-317.
- Griffiths, S., Dunford, R. P., Coupland, G., y Laurie, D. A. (2003). The evolution of CONSTANS-like gene families in barley, rice, and *Arabidopsis*. *Plant physiology* **131**, 1855-1867.
- Hallauer, A. R., y Carena, M. J. (2009). Maize. In "Cereals", pp. 3-98. Springer.
- Harper, L. C., Schaeffer, M. L., Thistle, J., Gardiner, J. M., Andorf, C. M., Campbell, D. A., Cannon, E. K., Braun, B. L., Birkett, S. M., y Lawrence, C. J. (2011). The MaizeGDB Genome Browser tutorial: one example of database outreach to biologists via video. *Database* **2011**.

- He, P., Zhou, W., y Jin, J. (2002). Effect of nitrogen application on redistribution and transformation of photosynthesized ^{14}C during grain formation in two maize cultivars with different senescence appearance. *Journal of plant nutrition* **25**, 2443-2456.
- Himelblau, E., y Amasino, R. M. (2001). Nutrients mobilized from leaves of *Arabidopsis thaliana* during leaf senescence. *Journal of Plant Physiology* **158**, 1317-1323.
- Holland, J. B. (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science* **46**, 642-654.
- Holland, J. B. (2015). MAGIC maize: a new resource for plant genetics. *Genome biology* **16**, 163.
- Holland, J. B., Nyquist, W. E., y Cervantes-Martínez, C. T. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *Plant breeding reviews* **22**, 9-112.
- Hsu, S.-C., Endow, J. K., Ruppel, N. J., Roston, R. L., Baldwin, A. J., y Inoue, K. (2011). Functional Diversification of Thylakoidal Processing Peptidases in *Arabidopsis thaliana*. *PLOS ONE* **6**, e27258.
- Hudson, K. A., y Hudson, M. E. (2015). A classification of basic helix-loop-helix transcription factors of soybean. *International journal of genomics* **2015**.
- Ismail, A. M., Hall, A. E., y Ehlers, J. D. (2000). Delayed-leaf-senescence and heat-tolerance traits mainly are independently expressed in cowpea. *Crop Science* **40**, 1049-1055.
- Jehanzeb, M., Zheng, X., y Miao, Y. (2017). The Role of the S40 Gene Family in Leaf Senescence. *International journal of molecular sciences* **18**, 2152.
- Jennings, P. R., Berrio, L., Torres, E., y Corredor, E. (2002). Una estrategia de mejoramiento para incrementar el potencial de rendimiento en arroz. *Foro Arroceros Latinoamericano* **8**, 10-13.
- Jiang, G. H., He, A. Q., Xu, C. G., Li, X. H., y Zhang, Q. (2004). The genetic basis of stay-green in rice analyzed in a population of doubled haploid lines derived from an indica by japonica cross. *Theoretical and Applied Genetics* **108**, 688-698.
- Jiang, H., Li, M., Liang, N., Yan, H., Wei, Y., Xu, X., Liu, J., Xu, Z., Chen, F., y Wu, G. (2007). Molecular cloning and function analysis of the stay green gene in rice. *The Plant Journal* **52**, 197-209.
- Jiang, Y., Liang, G., Yang, S., y Yu, D. (2014). Arabidopsis WRKY57 functions as a node of convergence for jasmonic acid–and auxin-mediated signaling in jasmonic acid–induced leaf senescence. *The Plant Cell* **26**, 230-245.
- Jiao, Y., Peluso, P., Shi, J., Liang, T., Stitzer, M. C., Wang, B., Campbell, M. S., Stein, J. C., Wei, X., Chin, C.-S., Guill, K., Regulski, M., Kumari, S., Olson, A., Gent, J., Schneider, K. L., Wolfgruber, T. K., May, M. R., Springer, N. M., Antoniou, E., McCombie, W. R., Presting, G. G., McMullen, M., Ross-Ibarra, J., Dawe, R. K., Hastie, A., Rank, D. R., y Ware, D. (2017). Improved maize reference genome with single-molecule technologies. *Nature* **546**, 524-527.
- Jiménez Galindo, J. C. (2017). Regiones genómicas asociadas a la resistencia a insectos y al rendimiento en maíz. Universidad de Santiago de Compostela, Departamento de Producción Vegetal y Proyectos de Ingeniería, Escuela Politécnica Superior. Lugo, España. 204 p.
- Jin, J., Tian, F., Yang, D.-C., Meng, Y.-Q., Kong, L., Luo, J., y Gao, G. (2017). PlantTFDB 4.0: toward a central hub for transcription factors and regulatory interactions in plants. *Nucleic Acids Research* **45**, D1040-D1045.

- Jordan, D., Hunt, C., Cruickshank, A., Borrell, A., y Henzell, R. (2012). The relationship between the stay-green trait and grain yield in elite sorghum hybrids grown in a range of environments. *Crop Science* **52**, 1153-1161.
- Joshi, A., Kumari, M., Singh, V., Reddy, C., Kumar, S., Rane, J., y Chand, R. (2007). Stay green trait: variation, inheritance and its association with spot blotch resistance in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* **153**, 59-71.
- Kahle, J., Baake, M., Doenecke, D., y Albig, W. (2005). Subunits of the heterotrimeric transcription factor NF-AND are imported into the nucleus by distinct pathways involving importin β and importin 13. *Molecular and Cellular Biology* **25**, 5339-5354.
- Kamara, A., Menkir, A., Badu-Apraku, B., y Ibikunle, O. (2003). Reproductive and stay-green trait responses of maize hybrids, improved open-pollinated varieties and farmers's local varieties to terminal drought stress. *Maydica* **48**, 29-38.
- Kante, M., Revilla, P., De La Fuente, M., Caicedo, M., y Ordás, B. (2016). Stay-green QTLs in temperate elite maize. *Euphytica* **207**, 463-473.
- Kaplan-Levy, R. N., Brewer, P. B., Quon, T., y Smyth, D. R. (2012). The trihelix family of transcription factors—light, stress and development. *Trends in plant science* **17**, 163-171.
- Kim, J. H., Choi, D., y Kende, H. (2003). The AtGRF family of putative transcription factors is involved in leaf and cotyledon growth in Arabidopsis. *The Plant Journal* **36**, 94-104.
- Kizis, D. (2002). Maize DRE-binding proteins DBF1 and DBF2 are involved in rab17 regulation through the drought-responsive element in an ABA-dependent pathway. *The Plant Journal* **30**, 679-689.
- Kumar, S., Mazumder, M., Gupta, N., Chattopadhyay, S., y Gourinath, S. (2016). Crystal structure of Arabidopsis thaliana calmodulin7 and insight into its mode of DNA binding. *FEBS letters* **590**, 3029-3039.
- Kumari, M., Pudake, R., Singh, V., y Joshi, A. K. (2013). Association of staygreen trait with canopy temperature depression and yield traits under terminal heat stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* **190**, 87-97.
- Kumari, M., Singh, V., Tripathi, R., y Joshi, A. (2007). Variation for staygreen trait and its association with canopy temperature depression and yield traits under terminal heat stress in wheat. *Wheat Production in Stressed Environments*, 357-363.
- Kutka, F. (2011). Open-pollinated vs. hybrid maize cultivars. *Sustainability* **3**, 1531-1554.
- Kvam, V. M., Liu, P., y Si, Y. (2012). A comparison of statistical methods for detecting differentially expressed genes from RNA-seq data. *American journal of botany* **99**, 248-256.
- Lai, A. G., Doherty, C. J., Mueller-Roeber, B., Kay, S. A., Schippers, J. H., y Dijkwel, P. P. (2012). CIRCADIAN CLOCK-ASSOCIATED 1 regulates ROS homeostasis and oxidative stress responses. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **109**, 17129-17134.
- Langmead, B., y Salzberg, S. L. (2012). Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nat Meth* **9**, 357-359.
- Lee, E., y Tollenaar, M. (2007). Physiological basis of successful breeding strategies for maize grain yield. *Crop Science* **47**, S-202-S-215.
- Lee, E. A., y Tracy, W. F. (2009). Modern maize breeding. In "Handbook of Maize", pp. 141-160. Springer.
- Leng, N., y Kendzierski, C. (2014). EBSeqHMM: An R package for identifying gene-expression changes in ordered RNA-seq experiments.
- Lenis, J., Calle, F., Jaramillo, G., Perez, J., Ceballos, H., y Cock, J. (2006). Leaf retention and cassava productivity. *Field Crops Research* **95**, 126-134.

- Li, G., Zhang, Z.-S., Gao, H.-A., Liu, P., Dong, S.-T., Zhang, J.-W., y Zhao, B. (2012). Effects of nitrogen on photosynthetic characteristics of leaves from two different stay-green corn (*Zea mays* L.) varieties at the grain-filling stage. *Canadian Journal of Plant Science* **92**, 671-680.
- Li, H., Pinot, F., Sauveplane, V., Werck-Reichhart, D., Diehl, P., Schreiber, L., Franke, R., Zhang, P., Chen, L., y Gao, Y. (2010a). Cytochrome P450 family member CYP704B2 catalyzes the ω -hydroxylation of fatty acids and is required for anther cutin biosynthesis and pollen exine formation in rice. *The Plant Cell* **22**, 173-190.
- Li, P., Ponnala, L., Gandotra, N., Wang, L., Si, Y., Tausta, S. L., Kebrom, T. H., Provart, N., Patel, R., y Myers, C. R. (2010b). The developmental dynamics of the maize leaf transcriptome. *Nature genetics* **42**, 1060-1067.
- Licausi, F., Ohme-Takagi, M., y Perata, P. (2013). APETALA2/Ethylene Responsive Factor (AP2/ERF) transcription factors: mediators of stress responses and developmental programs. *New Phytologist* **199**, 639-649.
- Lin, M., Pang, C., Fan, S., Song, M., Wei, H., y Yu, S. (2015). Global analysis of the *Gossypium hirsutum* L. Transcriptome during leaf senescence by RNA-Seq. *BMC plant biology* **15**, 43.
- Liseron-Monfils, C., Lewis, T., Ashlock, D., McNicholas, P. D., Fauteux, F., Strömvik, M., y Raizada, M. N. (2013). Promzea: a pipeline for discovery of co-regulatory motifs in maize and other plant species and its application to the anthocyanin and phlobaphene biosynthetic pathways and the Maize Development Atlas. *BMC plant biology* **13**, 42.
- Liu, L., Xu, W., Hu, X., Liu, H., y Lin, Y. (2016). W-box and G-box elements play important roles in early senescence of rice flag leaf. *Scientific Reports* **6**, 20881.
- Liu, X., Brutlag, D. L., y Liu, J. S. (2001). BioProspector: discovering conserved DNA motifs in upstream regulatory regions of co-expressed genes. In "Pacific symposium on biocomputing", Vol. 6, pp. 127-138.
- Lu, H., y Bernardo, R. (2001). Molecular marker diversity among current and historical maize inbreds. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **103**, 613-617.
- Ma, B. L., y Dwyer, L. M. (1998). Nitrogen uptake and use of two contrasting maize hybrids differing in leaf senescence. *Plant and Soil* **199**, 283-291.
- Mackay, I., y Powell, W. (2007). Methods for linkage disequilibrium mapping in crops. *Trends in plant science* **12**, 57-63.
- Mahony, S., y Benos, P. V. (2007). STAMP: a web tool for exploring DNA-binding motif similarities. *Nucleic acids research* **35**, W253-W258.
- Maiorano, A., Fanchini, D., y Donatelli, M. (2014). MIMYCS. Moisture, a process-based model of moisture content in developing maize kernels. *European journal of agronomy* **59**, 86-95.
- Mao, G., Seebeck, T., Schrenker, D., y Yu, O. (2013). CYP709B3, a cytochrome P450 monooxygenase gene involved in salt tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *BMC Plant Biology* **13**, 169.
- Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet. journal* **17**, pp. 10-12.
- Marzábal, P., Gas, E., Fontanet, P., Vicente-Carbajosa, J., Torrent, M., y Ludevid, M. D. (2008). The maize Dof protein PBF activates transcription of γ -zein during maize seed development. *Plant molecular biology* **67**, 441-454.
- Masclaux-Daubresse, C., Reisdorf-Cren, M., y Orsel, M. (2008). Leaf nitrogen remobilisation for plant development and grain filling. *Plant Biology* **10**, 23-36.

- Maxwell, K., y Johnson, G. N. (2000). Chlorophyll fluorescence—a practical guide. *Journal of experimental botany* **51**, 659-668.
- McMullen, M. D., Kresovich, S., Villeda, H. S., Bradbury, P., Li, H., Sun, Q., Flint-Garcia, S., Thornsberry, J., Acharya, C., y Bottoms, C. (2009). Genetic properties of the maize nested association mapping population. *Science* **325**, 737-740.
- Messmer, R., Fracheboud, Y., Bänziger, M., Stamp, P., y Ribaut, J.-M. (2011). Drought stress and tropical maize: QTLs for leaf greenness, plant senescence, and root capacitance. *Field Crops Research* **124**, 93-103.
- Miao, A., Laun, T., Zimmermann, P., y Zentgraf, U. (2004). Targets of the WRKY53 transcription factor and its role during leaf senescence in Arabidopsis. *Plant molecular biology* **55**, 853-867.
- Miao, Y., y Zentgraf, U. (2007). The antagonist function of Arabidopsis WRKY53 and ESR/ESP in leaf senescence is modulated by the jasmonic and salicylic acid equilibrium. *The Plant Cell* **19**, 819-830.
- Mikel, M. A. (2011). Genetic composition of contemporary US commercial dent corn germplasm. *Crop science* **51**, 592-599.
- Mikel, M. A., y Dudley, J. W. (2006). Evolution of North American dent corn from public to proprietary germplasm. *Crop Science* **46**, 1193-1205.
- Mitsuda, N., Hisabori, T., Takeyasu, K., y Sato, M. H. (2004). VOZ; isolation and characterization of novel vascular plant transcription factors with a one-zinc finger from Arabidopsis thaliana. *Plant and Cell Physiology* **45**, 845-854.
- Mohanty, B., Krishnan, S., Swarup, S., y Bajic, V. B. (2005). Detection and preliminary analysis of motifs in promoters of anaerobically induced genes of different plant species. *Annals of Botany* **96**, 669-681.
- Montefiori, M., Pilkington, S. M., Davies, K. M., y Allan, A. C. (2016). Genetics of Pigment Biosynthesis and Degradation. In "The Kiwifruit Genome", pp. 149-161. Springer.
- Mortazavi, A., Williams, B. A., McCue, K., Schaeffer, L., y Wold, B. (2008). Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq. *Nat Meth* **5**, 621-628.
- Mu, J., Tan, H., Hong, S., Liang, Y., y Zuo, J. (2013). Arabidopsis transcription factor genes NF-YA1, 5, 6, and 9 play redundant roles in male gametogenesis, embryogenesis, and seed development. *Molecular plant* **6**, 188-201.
- Murchie, E. H., y Lawson, T. (2013). Chlorophyll fluorescence analysis: a guide to good practice and understanding some new applications. *Journal of Experimental Botany* **64**, 3983-3998.
- Nakabayashi, K., Ito, M., Kiyosue, T., Shinozaki, K., y Watanabe, A. (1999). Identification of clp genes expressed in senescing Arabidopsis leaves. *Plant and cell physiology* **40**, 504-514.
- Nakagami, H., Pitzschke, A., y Hirt, H. (2005). Emerging MAP kinase pathways in plant stress signalling. *Trends in plant science* **10**, 339-346.
- Nam, J., depamphilis, C. W., Ma, H., y Nei, M. (2003). Antiquity and evolution of the MADS-box gene family controlling flower development in plants. *Molecular biology and evolution* **20**, 1435-1447.
- Nawaz, A., Farooq, M., Cheema, S. A., Yasmeen, A., y Wahid, A. (2013). Stay green character at grain filling ensures resistance against terminal drought in wheat. *Int. J. Agric. Biol* **15**, 1272-1276.
- Nelson, P., Krakowsky, M., Coles, N., Holland, J., Bubeck, D., Smith, J., y Goodman, M. (2016). Genetic characterization of the North Carolina state university maize lines. *Crop Science* **56**, 259-275.

- Nguy-Robertson, A., Peng, Y., Arkebauer, T., Scooby, D., Schepers, J., y Gitelson, A. (2015). Using a Simple Leaf Color Chart to Estimate Leaf and Canopy Chlorophyll a Content in Maize (*Zea mays*). *Communications in Soil Science and Plant Analysis* **46**, 2734-2745.
- Nomura, T., Magome, H., Hanada, A., Takeda-Kamiya, N., Mander, L. N., Kamiya, Y., y Yamaguchi, S. (2013). Functional Analysis of Arabidopsis CYP714A1 and CYP714A2 Reveals That They are Distinct Gibberellin Modification Enzymes. *Plant and Cell Physiology* **54**, 1837-1851.
- Oda-Yamamizo, C., Mitsuda, N., Sakamoto, S., Ogawa, D., Ohme-Takagi, M., y Ohmiya, A. (2016). The NAC transcription factor ANAC046 is a positive regulator of chlorophyll degradation and senescence in Arabidopsis leaves. *Scientific reports* **6**, 23609.
- Ordas, B., Romay, M. C., y Hill, W. G. (2007). Effect of selection on the heterozygosity of inbred lines of maize. *Molecular Breeding* **20**, 117-129.
- Ortiz, R., Taba, S., Tovar, V. H. C., Mezzalama, M., Xu, Y., Yan, J., y Crouch, J. H. (2010). Conserving and enhancing maize genetic resources as global public goods—a perspective from CIMMYT. *Crop Science* **50**, 13-28.
- Oshlack, A., Robinson, M. D., y Young, M. D. (2010). From RNA-seq reads to differential expression results. *Genome biology* **11**, 220.
- Ouaked, F., Rozhon, W., Lecourieux, D., y Hirt, H. (2003). A MAPK pathway mediates ethylene signaling in plants. *The EMBO Journal* **22**, 1282-1288.
- Ougham, H., Hörtensteiner, S., Armstead, I., Donnison, I., King, I., Thomas, H., y Mur, L. (2008). The control of chlorophyll catabolism and the status of yellowing as a biomarker of leaf senescence. *Plant Biology* **10**, 4-14.
- Paliwal, R. L., Granados, G., Lafitte, H. R., Violic, A. D., y Marathée, J.-P. (2001). El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción (No. 28). Food & Agriculture Org.
- Pascual, L., y Cañizares, J. (2012). Herramientas bioinformáticas para la mejora vegetal. En "La genética de los caracteres cuantitativos en la mejora vegetal del siglo XXI", (Ed.: J. J. Ferreira, A. Ordás, M. Pérez de la Vega), SERIDA-INIA, España, pp. 273-302.
- Pavesi, G., Zambelli, F., y Pesole, G. (2007). WeederH: an algorithm for finding conserved regulatory motifs and regions in homologous sequences. *BMC bioinformatics* **8**, 46.
- Pfaffl, M. W. (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic acids research* **29**, e45-e45.
- Pfaffl, M. W., Tichopad, A., Prgomet, C., y Neuvians, T. P. (2004). Determination of stable housekeeping genes, differentially regulated target genes and sample integrity: BestKeeper—Excel-based tool using pair-wise correlations. *Biotechnology letters* **26**, 509-515.
- Pinto, R. S., Lopes, M. S., Collins, N. C., y Reynolds, M. P. (2016). Modelling and genetic dissection of staygreen under heat stress. *Theoretical and Applied Genetics* **129**, 2055-2074.
- Pommel, B., Gallais, A., Coque, M., Quillere, I., Hirel, B., Prioul, J., Andrieu, B., y Floriot, M. (2006). Carbon and nitrogen allocation and grain filling in three maize hybrids differing in leaf senescence. *European Journal of Agronomy* **24**, 203-211.
- Prasanna, B., Chaikam, V., y Mahuku, G. (2013). "Tecnología de dobles haploides en el mejoramiento de maíz: teoría and práctica," CIMMYT.
- Rajcan, I., Dwyer, L. M., y Tollenaar, M. (1999). Note on relationship between leaf soluble carbohydrate and chlorophyll concentrations in maize during leaf senescence. *Field Crops Research* **63**, 13-17.

- Rajcan, I., y Tollenaar, M. (1999). Source: sink ratio and leaf senescence in maize:: II. Nitrogen metabolism during grain filling. *Field Crops Research* **60**, 255-265.
- Rashmi, S., y Rajkumar, H. (2015). Evaluation of antifungal activity of lichen extracts against phytopathogenic fungi *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. *International Journal of Current Research* **7**, 17718-17721.
- Ré, D. A., Capella, M., Bonaventure, G., y Chan, R. L. (2014). Arabidopsis AtHB7 and AtHB12 evolved divergently to fine tune processes associated with growth and responses to water stress. *BMC Plant Biology* **14**, 150.
- Rincent, R., Laloë, D., Nicolas, S., Altmann, T., Brunel, D., Revilla, P., Rodriguez, V. M., Moreno-Gonzalez, J., Melchinger, A., y Bauer, E. (2012). Maximizing the reliability of genomic selection by optimizing the calibration set of reference individuals: comparison of methods in two diverse groups of maize inbreds (*Zea mays* L.). *Genetics* **192**, 715-728.
- Rombolá-Caldentey, B., Rueda-Romero, P., Iglesias-Fernández, R., Carbonero, P., y Oñate-Sánchez, L. (2014). Arabidopsis DELLA and two HD-ZIP transcription factors regulate GA signaling in the epidermis through the L1 box cis-element. *The Plant Cell* **26**, 2905-2919.
- Rook, F., Gerrits, N., Kortstee, A., Van Kampen, M., Borrias, M., Weisbeek, P., y Smeekens, S. (1998). Sucrose-specific signalling represses translation of the Arabidopsis ATB2 bZIP transcription factor gene. *The Plant Journal* **15**, 253-263.
- Ruijter, J., Ramakers, C., Hoogaars, W., Karlen, Y., Bakker, O., Van den Hoff, M., y Moorman, A. (2009). Amplification efficiency: linking baseline and bias in the analysis of quantitative PCR data. *Nucleic acids research* **37**, e45-e45.
- Sakuraba, Y., Kim, Y.-S., Yoo, S.-C., Hörtensteiner, S., y Paek, N.-C. (2013). 7-Hydroxymethyl chlorophyll a reductase functions in metabolic channeling of chlorophyll breakdown intermediates during leaf senescence. *Biochemical and Biophysical Research Communications* **430**, 32-37.
- Sakuraba, Y., Park, S.-Y., y Paek, N.-C. (2015). The divergent roles of STAYGREEN (SGR) homologs in chlorophyll degradation. *Molecules and cells* **38**, 390.
- SAS Institute (2015). Base SAS ® 9.4 Procedures Guide: Statistical Procedures, Third Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Schelbert, S., Aubry, S., Burla, B., Agne, B., Kessler, F., Krupinska, K., y Hörtensteiner, S. (2009). Pheophytin pheophorbide hydrolase (pheophytinase) is involved in chlorophyll breakdown during leaf senescence in Arabidopsis. *The Plant Cell* **21**, 767-785.
- Schena, M. (1999). "DNA microarrays: a practical approach," Practical Approach Series.
- Schena, M., Shalon, D., Davis, R. W., y Brown, P. O. (1995). Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. *SCIENCE-NEW YORK THEN WASHINGTON*-, 467-467.
- Schilmiller, A. L., Stout, J., Weng, J. K., Humphreys, J., Ruegger, M. O., y Chapple, C. (2009). Mutations in the cinnamate 4-hydroxylase gene impact metabolism, growth and development in Arabidopsis. *The Plant Journal* **60**, 771-782.
- Segebart, R. L. (1994). Inbred corn line PHHB9. Google Patents.
- Severin, A. J., Woody, J. L., Bolon, Y.-T., Joseph, B., Diers, B. W., Farmer, A. D., Muehlbauer, G. J., Nelson, R. T., Grant, D., y Specht, J. E. (2010). RNA-Seq Atlas of Glycine max: a guide to the soybean transcriptome. *BMC plant biology* **10**, 160.
- Shiferaw, B., Prasanna, B. M., Hellin, J., y Bänziger, M. (2011). Crops that feed the world 6. Past successes and future challenges to the role played by maize in global food security. *Food Security* **3**, 307.

- Silva Alves, S., Nedel, J. L., Schüssler de Vasconcellos, N. J., Cruz, P. J., y Simioni, D. (2004). Composição de subunidades de gluteninas de alto peso molecular (HMW) em trigos portadores do caráter stay-green. *Ciência Rural* **34**.
- Silva, S. A., de Carvalho, F. I. F., Nedel, J. L., Cruz, P. J., Peske, S. T., Simioni, D., y Cargnin, A. (2003). Enchimento de sementes em linhas quase-isogênicas de trigo com presença e ausência do caráter "stay-green". *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **38**, 613-618.
- Sinclair, T., y Horie, T. (1989). Leaf nitrogen, photosynthesis, and crop radiation use efficiency: a review. *Crop science* **29**, 90-98.
- Steel, R. G., Torrie, J. H., y Dickey, D. A. (1997). "Principles and procedures of statistics: A biological approach," McGraw-Hill.
- Stewart, A. J., Hannenhalli, S., y Plotkin, J. B. (2012). Why transcription factor binding sites are ten nucleotides long. *Genetics* **192**, 973-985.
- Sukumaran, S., Li, X., Li, X., Zhu, C., Bai, G., Perumal, R., Tuinstra, M. R., Prasad, P., Mitchell, S. E., y Tesso, T. T. (2016). QTL mapping for grain yield, flowering time, and stay-green traits in sorghum with genotyping-by-sequencing markers. *crop science* **56**, 1429-1442.
- Takaiwa, F., y Onodera, Y. (2007). Bzip type transcription factors regulating the expression of rice storage protein. Google Patents.
- Tan, Q. K.-G., y Irish, V. F. (2006). The Arabidopsis zinc finger-homeodomain genes encode proteins with unique biochemical properties that are coordinately expressed during floral development. *Plant physiology* **140**, 1095-1108.
- Thomas, H. (2013). Senescence, ageing and death of the whole plant. *New Phytologist* **197**, 696-711.
- Thomas, H., y Howarth, C. J. (2000). Five ways to stay green. *Journal of experimental botany* **51**, 329-337.
- Thomas, H., y Ougham, H. (2014). The stay-green trait. *J Exp Bot* **65**, 3889-900.
- Thomas, H., y Smart, C. M. (1993). Crops that stay green1. *Annals of Applied Biology* **123**, 193-219.
- Toledo-Ortiz, G., Huq, E., y Quail, P. H. (2003). The Arabidopsis basic/helix-loop-helix transcription factor family. *The Plant Cell* **15**, 1749-1770.
- Tran, L.-S. P., Nakashima, K., Sakuma, Y., Osakabe, Y., Qin, F., Simpson, S. D., Maruyama, K., Fujita, Y., Shinozaki, K., y Yamaguchi-Shinozaki, K. (2007). Co-expression of the stress-inducible zinc finger homeodomain ZFHD1 and NAC transcription factors enhances expression of the ERD1 gene in Arabidopsis. *The Plant Journal* **49**, 46-63.
- Tran, L.-S. P., Nakashima, K., Sakuma, Y., Simpson, S. D., Fujita, Y., Maruyama, K., Fujita, M., Seki, M., Shinozaki, K., y Yamaguchi-Shinozaki, K. (2004). Isolation and Functional Analysis of Arabidopsis Stress-Inducible NAC Transcription Factors That Bind to a Drought-Responsive *cis*-Element in the *early responsive to dehydration stress 1* Promoter. *The Plant Cell* **16**, 2481-2498.
- Trapnell, C., Pachter, L., y Salzberg, S. L. (2009). TopHat: discovering splice junctions with RNA-Seq. *Bioinformatics* **25**, 1105-1111.
- Trapnell, C., Roberts, A., Goff, L., Pertea, G., Kim, D., Kelley, D. R., Pimentel, H., Salzberg, S. L., Rinn, J. L., y Pachter, L. (2012). Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. *Nature protocols* **7**, 562-578.
- Troyer, A. F. (2004). Background of US hybrid corn II. *Crop science* **44**, 370-380.

- Troyer, A. F. (2009). Development of Hybrid Corn and the Seed Corn Industry. In "Handbook of Maize: Genetics and Genomics" (J. L. Bennetzen and S. Hake, eds.), pp. 87-114. Springer New York, New York, NY.
- Troyer, A. F., y Wellin, E. J. (2009). Heterosis decreasing in hybrids: yield test inbreds. *Crop Science* **49**, 1969-1976.
- Tuomi, J. M., Voorbraak, F., Jones, D. L., y Ruijter, J. M. (2010). Bias in the Cq value observed with hydrolysis probe based quantitative PCR can be corrected with the estimated PCR efficiency value. *Methods* **50**, 313-322.
- Vadez, V., Deshpande, S. P., Kholova, J., Hammer, G. L., Borrell, A. K., Talwar, H. S., y Hash, C. T. (2011). Stay-green quantitative trait loci's effects on water extraction, transpiration efficiency and seed yield depend on recipient parent background. *Functional Plant Biology* **38**, 553-566.
- Valentinuz, O. R., y Tollenaar, M. (2004). Vertical profile of leaf senescence during the grain-filling period in older and newer maize hybrids. *Crop Science* **44**, 827-834.
- Varela, S. A., Caballé, G., Curetti, M., y Portela, J. A. (2010). Sistemas IRGA en la medición de intercambio gaseoso. En: Técnicas de medición en Ecofisiología vegetal: conceptos y procedimientos. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (Argentina). 86-106.
- Veyres, N., Danon, A., Aono, M., Galliot, S., Karibasappa, Y. B., Diet, A., Grandmottet, F., Tamaoki, M., Lesur, D., y Pilard, S. (2008). The Arabidopsis sweetie mutant is affected in carbohydrate metabolism and defective in the control of growth, development and senescence. *The Plant Journal* **55**, 665-686.
- Wagner, R., Aigner, H., Pružinská, A., Jänkänpää, H. J., Jansson, S., y Funk, C. (2011). Fitness analyses of Arabidopsis thaliana mutants depleted of FtsH metalloproteases and characterization of three FtsH6 deletion mutants exposed to high light stress, senescence and chilling. *New Phytologist* **191**, 449-458.
- Wang, A.-y., Li, Y., y Zhang, C.-q. (2012). QTL mapping for stay-green in maize (*Zea mays*). *Canadian Journal of Plant Science* **92**, 249-256.
- Wang, N., Akey, J. M., Zhang, K., Chakraborty, R., y Jin, L. (2002). Distribution of recombination crossovers and the origin of haplotype blocks: the interplay of population history, recombination, and mutation. *The American Journal of Human Genetics* **71**, 1227-1234.
- Welner, D. H., Deeba, F., Leggio, L. L., y Skriver, K. (2016). NAC transcription factors: from structure to function in stress-associated networks. In "Plant Transcription Factors", pp. 199-212. Academic Press.
- White, J. L., y Trimble, M. W. (1994). Inbred corn line PHMKO. Google Patents.
- Wiese, A., Elzinga, N., Wobbes, B., y Smeekens, S. (2004). A conserved upstream open reading frame mediates sucrose-induced repression of translation. *The Plant Cell* **16**, 1717-1729.
- Wilkinson, J. M., y Hill, J. (2003). Effect on yield and dry-matter distribution of the stay-green characteristic in cultivars of forage maize grown in England. *Grass and Forage Science* **58**, 258-264.
- Windhövel, A., Hein, I., Dabrowa, R., y Stockhaus, J. (2001). Characterization of a novel class of plant homeodomain proteins that bind to the C4 phosphoenolpyruvate carboxylase gene of *Flaveria trinervia*. *Plant molecular biology* **45**, 201-214.
- Witt, C., Pasuquin, J., Mutters, R., y Buresh, R. (2005). New leaf color chart for effective nitrogen management in rice. *Better crops* **89**, 36-39.
- Woo, H. R., Koo, H. J., Kim, J., Jeong, H., Yang, J. O., Lee, I. H., Jun, J. H., Choi, S. H., Park, S. J., Kang, B., Kim, Y. W., Phee, B.-K., Kim, J. H., Seo, C., Park, C., Kim, S. C., Park,

- S., Lee, B., Lee, S., Hwang, D., Nam, H. G., y Lim, P. O. (2016). Programming of plant leaf senescence with temporal and inter-organellar coordination of transcriptome in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, pp-01929.
- Worku, M., Bänziger, M., Schulte auf'm Erley, G., Friesen, D., Diallo, A. O., y Horst, W. J. (2012). Nitrogen efficiency as related to dry matter partitioning and root system size in tropical mid-altitude maize hybrids under different levels of nitrogen stress. *Field Crops Research* **130**, 57-67.
- Wu, X.-Y., Hu, W.-J., Luo, H., Xia, Y., Zhao, Y., Wang, L.-D., Zhang, L.-M., Luo, J.-C., y Jing, H.-C. (2016). Transcriptome profiling of developmental leaf senescence in sorghum (*Sorghum bicolor*). *Plant molecular biology* **92**, 555-580.
- Wu, X. A., Kuai, B. K., Jia, J. Z., y Jing, H. C. (2012). Regulation of leaf senescence and crop genetic improvement. *J Integr Plant Biol* **54**, 936-52.
- Xie, Y., Huhn, K., Brandt, R., Potschin, M., Bieker, S., Straub, D., Doll, J., Drechsler, T., Zentgraf, U., y Wenkel, S. (2014). REVOLUTA and WRKY53 connect early and late leaf development in *Arabidopsis*. *Development* **141**, 4772-4783.
- Xu, W., Rosenow, D., y Nguyen, H. (2000). Stay green trait in grain sorghum: relationship between visual rating and leaf chlorophyll concentration. *Plant Breeding* **119**, 365-367.
- Yamamoto, T., Suzuki, T., Suzuki, K., Adachi, S., Sun, J., Yano, M., Ookawa, T., y Hirasawa, T. (2017). Characterization of a genomic region that maintains chlorophyll and nitrogen contents during ripening in a high-yielding stay-green rice cultivar. *Field Crops Research* **206**, 54-64.
- Yan, J., Shah, T., Warburton, M. L., Buckler, E. S., McMullen, M. D., y Crouch, J. (2009). Genetic characterization and linkage disequilibrium estimation of a global maize collection using SNP markers. *PloS one* **4**, e8451.
- Yanagisawa, S. (2000). Dof1 and Dof2 transcription factors are associated with expression of multiple genes involved in carbon metabolism in maize. *The Plant Journal* **21**, 281-288.
- Yang, B., Yan, X., Wang, H., Li, X., Ma, H., Wang, S., Sun, D., y Jing, R. (2016). Dynamic QTL analysis of chlorophyll content during grain filling stage in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Romanian Agricultural Research* **33**, 77-85.
- Yang, J., Carena, M., y Uphaus, J. (2010). Area under the dry down curve (AUDDC): a method to evaluate rate of dry down in maize. *Crop science* **50**, 2347-2354.
- Yang, J., y Zhang, J. (2006). Grain filling of cereals under soil drying. *New phytologist* **169**, 223-236.
- Yang, Z., Li, X., Zhang, N., Wang, X., Zhang, Y., Ding, Y., Kuai, B., y Huang, X. (2017). Mapping and validation of the quantitative trait loci for leaf stay-green-associated parameters in maize. *Plant Breeding* **136**, 188-196.
- Ye, J., Fang, L., Zheng, H., Zhang, Y., Chen, J., Zhang, Z., Wang, J., Li, S., Li, R., y Bolund, L. (2006). WEGO: a web tool for plotting GO annotations. *Nucleic acids research* **34**, W293-W297.
- Yoo, S., Cho, S., Zhang, H., Paik, H., Lee, C., Li, J., Yoo, J., Lee, B., Koh, H., y Seo, H. S. (2007). Quantitative trait loci associated with functional stay-green SNU-SG1 in rice. *Molecules and cells* **24**, 83.
- Yu, C.-P., Chen, S. C.-C., Chang, Y.-M., Liu, W.-Y., Lin, H.-H., Lin, J.-J., Chen, H. J., Lu, Y.-J., Wu, Y.-H., y Lu, M.-Y. J. (2015). Transcriptome dynamics of developing maize leaves and genomewide prediction of cis elements and their cognate transcription factors. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **112**, E2477-E2486.
- Yu, J., Pressoir, G., Briggs, W. H., Bi, I. V., Yamasaki, M., Doebley, J. F., McMullen, M. D., Gaut, B. S., Nielsen, D. M., y Holland, J. B. (2006). A unified mixed-model method for

- association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nature genetics* **38**, 203.
- Zhang, F., Li, L., Jiao, Z., Chen, Y., Liu, H., Chen, X., Fu, J., Wang, G., y Zheng, J. (2016). Characterization of the calcineurin B-Like (CBL) gene family in maize and functional analysis of ZmCBL9 under abscisic acid and abiotic stress treatments. *Plant Science* **253**, 118-129.
- Zhang, G., Guo, G., Hu, X., Zhang, Y., Li, Q., Li, R., Zhuang, R., Lu, Z., He, Z., y Fang, X. (2010a). Deep RNA sequencing at single base-pair resolution reveals high complexity of the rice transcriptome. *Genome research* **20**, 646-654.
- Zhang, Q., Cheetamun, R., Dhugga, K. S., Rafalski, J. A., Tingey, S. V., Shirley, N. J., Taylor, J., Hayes, K., Beatty, M., y Bacic, A. (2014a). Spatial gradients in cell wall composition and transcriptional profiles along elongating maize internodes. *BMC plant biology* **14**, 27.
- Zhang, W. A., Xu, A. C., Li, W. L., Yang, L., Yue, X., Zhang, X. S., y Zhao, X. A. (2014b). Transcriptional analyses of natural leaf senescence in maize. *PLoS One* **9**, e115617.
- Zhang, Y., Liu, J., Chai, J., y Xing, D. (2015). Mitogen-activated protein kinase 6 mediates nuclear translocation of ORE3 to promote ORE9 gene expression in methyl jasmonate-induced leaf senescence. *Journal of experimental botany* **67**, 83-94.
- Zhang, Z., Ersoz, E., Lai, C.-Q., Todhunter, R. J., Tiwari, H. K., Gore, M. A., Bradbury, P. J., Yu, J., Arnett, D. K., y Ordovas, J. M. (2010b). Mixed linear model approach adapted for genome-wide association studies. *Nature genetics* **42**, 355-360.
- Zhang, Z., Li, G., Gao, H., Zhang, L., Yang, C., Liu, P., y Meng, Q. (2012). Characterization of photosynthetic performance during senescence in stay-green and quick-leaf-senescence Zea mays L. inbred lines. *PloS one* **7**, e42936.
- Zhao, J., Sun, Z., Zheng, J., Guo, X., Dong, Z., Huai, J., Gou, M., He, J., Jin, Y., Wang, J., y Wang, G. (2009). Cloning and characterization of a novel CBL-interacting protein kinase from maize. *Plant Molecular Biology* **69**, 661-674.
- Zhao, K., y Bartley, L. E. (2014). Comparative genomic analysis of the R2R3 MYB secondary cell wall regulators of Arabidopsis, poplar, rice, maize, and switchgrass. *BMC plant biology* **14**, 135.
- Zheng, H., Wu, A., Zheng, C., Wang, Y., Cai, R., Shen, X., Xu, R., Liu, P., Kong, L., y Dong, S. (2009). QTL mapping of maize (Zea mays) stay-green traits and their relationship to yield. *Plant Breeding* **128**, 54-62.
- Zhu, C., Gore, M., Buckler, E. S., y Yu, J. (2008). Status and prospects of association mapping in plants. *The plant genome* **1**, 5-20.





ANEXOS



8 ANEXOS

ANEXO I

Tabla A-I 17, 8, 82, 14 y 2 genes consistentes *down regulated* identificados durante la senescencia de líneas puras de maíz a los 15, 30, 45, 60 y 75 días antes de la senescencia, respectivamente.

| DEGs 15 days before senescence (BDS) | | | | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|---------------------------------|---------------------|----|----|----|----|
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (< 0,5) | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 |
| NC292 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,13396 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,25707 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,00001 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,14244 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,00001 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,18162 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d005931 | genebuilder | 0,05238 | | | | |
| NC292 | Zm00001d008296 | Uncharacterized protein | 0,16154 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d008296 | Uncharacterized protein | 0,13375 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d008296 | Uncharacterized protein | 0,00001 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d008296 | Uncharacterized protein | 0,00001 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d008296 | Uncharacterized protein | 0,25078 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d008296 | Uncharacterized protein | 0,12362 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d008905 | Peptide-N4-asparagine amidase A | 0,24271 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d008905 | Peptide-N4-asparagine amidase A | 0,07217 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d008905 | Peptide-N4-asparagine amidase A | 0,00001 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d008905 | Peptide-N4-asparagine amidase A | 0,07515 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d008905 | Peptide-N4-asparagine amidase A | 0,13359 | | | | |
| NC292 | Zm00001d010578 | Uncharacterized protein | 0,42057 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d010578 | Uncharacterized protein | 0,24932 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d010578 | Uncharacterized protein | 0,24552 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d010578 | Uncharacterized protein | 0,35400 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d010578 | Uncharacterized protein | 0,34047 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d016874 | genebuilder | 0,37615 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d016874 | genebuilder | 0,25047 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d016874 | genebuilder | 0,05385 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d016874 | genebuilder | 0,31541 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d016874 | genebuilder | 0,23509 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d020023 | genebuilder | 0,37083 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d020023 | genebuilder | 0,32105 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d020023 | genebuilder | 0,33790 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d020023 | genebuilder | 0,33515 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d020023 | genebuilder | 0,38953 | | | | |
| NC292 | Zm00001d028905 | Uncharacterized protein | 0,26880 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d028905 | Uncharacterized protein | 0,31435 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d028905 | Uncharacterized protein | 0,16461 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d028905 | Uncharacterized protein | 0,47316 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d028905 | Uncharacterized protein | 0,26367 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d029126 | genebuilder | 0,35945 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d029126 | genebuilder | 0,36022 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d029126 | genebuilder | 0,29052 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d029126 | genebuilder | 0,37089 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d029126 | genebuilder | 0,08734 | | | | |
| NC292 | Zm00001d030038 | genebuilder | 0,13503 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d030038 | genebuilder | 0,43524 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d030038 | genebuilder | 0,04496 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d030038 | genebuilder | 0,23070 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d030038 | genebuilder | 0,17924 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d038163 | Uncharacterized protein | 0,47888 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d038163 | Uncharacterized protein | 0,25678 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d038163 | Uncharacterized protein | 0,30234 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d038163 | Uncharacterized protein | 0,31483 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d038163 | Uncharacterized protein | 0,36975 | | | | |

Tabla A-I (Continuación)

| DEGs 15 days before senescence (BDS) | | | | | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|---|---------------------|---------|----|----|----|----|
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (< 0.5) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| NC292 | Zm00001d038648 | Uncharacterized protein | 0,46425 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d038648 | Uncharacterized protein | 0,35358 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d038648 | Uncharacterized protein | 0,32324 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d038648 | Uncharacterized protein | 0,25362 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d038648 | Uncharacterized protein | 0,27461 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d038648 | Uncharacterized protein | 0,26964 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d038882 | Putative regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein | 0,31948 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d038882 | Putative regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein | 0,18792 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d038882 | Putative regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein | 0,15700 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d038882 | Putative regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein | 0,39166 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d038882 | Putative regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein | 0,09696 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d039314 | genebuilder | 0,31549 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d039314 | genebuilder | 0,41613 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d039314 | genebuilder | 0,24901 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d039314 | genebuilder | 0,19110 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d039314 | genebuilder | 0,27668 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d041308 | genebuilder | 0,45181 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d041308 | genebuilder | 0,31676 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d041308 | genebuilder | 0,22998 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d041308 | genebuilder | 0,17035 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d041308 | genebuilder | 0,28856 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d041308 | genebuilder | 0,28518 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d045451 | Transketolase%2C chloroplastic | 0,43349 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d045451 | Transketolase%2C chloroplastic | 0,42619 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d045451 | Transketolase%2C chloroplastic | 0,31131 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d045451 | Transketolase%2C chloroplastic | 0,44071 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d045451 | Transketolase%2C chloroplastic | 0,29779 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d046766 | Uncharacterized protein | 0,45488 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d046766 | Uncharacterized protein | 0,23828 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d046766 | Uncharacterized protein | 0,12826 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d046766 | Uncharacterized protein | 0,15938 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d046766 | Uncharacterized protein | 0,32240 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d048008 | Uncharacterized protein | 0,33443 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d048008 | Uncharacterized protein | 0,37846 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d048008 | Uncharacterized protein | 0,23019 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d048008 | Uncharacterized protein | 0,31324 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d048008 | Uncharacterized protein | 0,32311 | | | | | |
| DEGs 30 days before senescence (BDS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (< 0.5) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| NC292 | Zm00001d009503 | Uncharacterized protein | 0,26157 | 0,35336 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d009503 | Uncharacterized protein | 0,18101 | 0,43123 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d009503 | Uncharacterized protein | 0,09007 | 0,19160 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d009503 | Uncharacterized protein | 0,05846 | 0,30569 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d009503 | Uncharacterized protein | 0,13632 | 0,35470 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d009503 | Uncharacterized protein | 0,08065 | 0,16400 | | | | |
| NC292 | Zm00001d022500 | genebuilder | 0,03360 | 0,30238 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d022500 | genebuilder | 0,12565 | 0,47668 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d022500 | genebuilder | 0,08140 | 0,20401 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d022500 | genebuilder | 0,02499 | 0,17977 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d022500 | genebuilder | 0,13072 | 0,23318 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d025771 | Uncharacterized protein | 0,17068 | 0,49974 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d025771 | Uncharacterized protein | 0,03523 | 0,30939 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d025771 | Uncharacterized protein | 0,12079 | 0,29222 | | | | |

Tabla A-I (Continuación)

| PHHB9 | Zm00001d025771 | Uncharacterized protein | 0,06723 | 0,15189 | | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|--------------------------------------|---------------------|---------|---------|----|----|----|--|
| PA8637 | Zm00001d025771 | Uncharacterized protein | 0,20448 | 0,14484 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d025771 | Uncharacterized protein | 0,06187 | 0,33432 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d029803 | Uncharacterized protein | 0,01826 | 0,08477 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d029803 | Uncharacterized protein | 0,28736 | 0,31897 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d029803 | Uncharacterized protein | 0,07649 | 0,10449 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d029803 | Uncharacterized protein | 0,06152 | 0,25907 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d029803 | Uncharacterized protein | 0,16953 | 0,25840 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d031749 | Glutamate decarboxylase | 0,24679 | 0,47369 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d031749 | Glutamate decarboxylase | 0,13984 | 0,29550 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d031749 | Glutamate decarboxylase | 0,02810 | 0,19984 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d031749 | Glutamate decarboxylase | 0,03062 | 0,18711 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d031749 | Glutamate decarboxylase | 0,15929 | 0,40402 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d032301 | Uncharacterized protein | 0,41316 | 0,32930 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d032301 | Uncharacterized protein | 0,36723 | 0,41365 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d032301 | Uncharacterized protein | 0,23356 | 0,38338 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d032301 | Uncharacterized protein | 0,18340 | 0,33098 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d032301 | Uncharacterized protein | 0,26988 | 0,39271 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d032301 | Uncharacterized protein | 0,26716 | 0,26340 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d036875 | Uncharacterized protein | 0,15488 | 0,28297 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d036875 | Uncharacterized protein | 0,29540 | 0,33099 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d036875 | Uncharacterized protein | 0,03642 | 0,16288 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d036875 | Uncharacterized protein | 0,05036 | 0,41408 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d036875 | Uncharacterized protein | 0,22101 | 0,36381 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d036875 | Uncharacterized protein | 0,11113 | 0,28491 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d045575 | Uncharacterized protein | 0,43656 | 0,43327 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d045575 | Uncharacterized protein | 0,25336 | 0,33634 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d045575 | Uncharacterized protein | 0,28406 | 0,44978 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d045575 | Uncharacterized protein | 0,29237 | 0,43881 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d045575 | Uncharacterized protein | 0,31966 | 0,27094 | | | | | |
| DEGs 45 days before senescence (BDS) | | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (< 0.5) | | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 | |
| NC292 | Zm00001d000060 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 0,00644 | 0,05390 | 0,09147 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d000060 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 0,00170 | 0,02413 | 0,06596 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d000060 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 0,00001 | 0,01915 | 0,08750 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d000060 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 0,00001 | 0,01839 | 0,09712 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d000060 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 0,00183 | 0,02015 | 0,10646 | | | | |
| NC292 | Zm00001d001857 | Chlorophyll a-b binding protein CP24 | 0,16108 | 0,28347 | 0,13341 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d001857 | Chlorophyll a-b binding protein CP24 | 0,24899 | 0,48190 | 0,44399 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d001857 | Chlorophyll a-b binding protein CP24 | 0,10901 | 0,04629 | 0,31815 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d001857 | Chlorophyll a-b binding protein CP24 | 0,32322 | 0,05346 | 0,32795 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d001857 | Chlorophyll a-b binding protein CP24 | 0,13395 | 0,19281 | 0,08428 | | | | |
| NC292 | Zm00001d002426 | Uncharacterized protein | 0,28665 | 0,33848 | 0,28987 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d002426 | Uncharacterized protein | 0,19683 | 0,24610 | 0,41585 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d002426 | Uncharacterized protein | 0,11931 | 0,20442 | 0,25442 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d002426 | Uncharacterized protein | 0,10263 | 0,15768 | 0,23575 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d002426 | Uncharacterized protein | 0,26780 | 0,28239 | 0,26592 | | | | |
| NC292 | Zm00001d003459 | Putative uncharacterized protein | 0,26504 | 0,33838 | 0,31949 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d003459 | Putative uncharacterized protein | 0,26371 | 0,28761 | 0,48496 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d003459 | Putative uncharacterized protein | 0,09459 | 0,24511 | 0,23945 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d003459 | Putative uncharacterized protein | 0,20592 | 0,26725 | 0,36907 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d003459 | Putative uncharacterized protein | 0,09736 | 0,14382 | 0,21529 | | | | |
| NC292 | Zm00001d003563 | genebuilder | 0,02459 | 0,28611 | 0,47793 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d003563 | genebuilder | 0,01843 | 0,07536 | 0,25151 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d003563 | genebuilder | 0,03772 | 0,22309 | 0,32337 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d003563 | genebuilder | 0,02479 | 0,10850 | 0,19073 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d003563 | genebuilder | 0,08345 | 0,20947 | 0,20170 | | | | |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|---------|
| NC292 | Zm00001d003767 | 16kDa membrane protein | 0,08443 | 0,21163 | 0,13196 |
| PHT10 | Zm00001d003767 | 16kDa membrane protein | 0,06643 | 0,15947 | 0,38829 |
| PHHB9 | Zm00001d003767 | 16kDa membrane protein | 0,11975 | 0,10929 | 0,24849 |
| PA8637 | Zm00001d003767 | 16kDa membrane protein | 0,17023 | 0,09679 | 0,25162 |
| PHW79 | Zm00001d003767 | 16kDa membrane protein | 0,12872 | 0,17218 | 0,07895 |
| NC292 | Zm00001d004440 | genebuilder | 0,05514 | 0,26887 | 0,28620 |
| PHT10 | Zm00001d004440 | genebuilder | 0,10075 | 0,10161 | 0,28842 |
| PHW52 | Zm00001d004440 | genebuilder | 0,10388 | 0,31724 | 0,25817 |
| PHHB9 | Zm00001d004440 | genebuilder | 0,04286 | 0,16632 | 0,15285 |
| PA8637 | Zm00001d004440 | genebuilder | 0,19202 | 0,38488 | 0,21929 |
| NC292 | Zm00001d004817 | Uncharacterized protein | 0,03511 | 0,11534 | 0,16404 |
| PHT10 | Zm00001d004817 | Uncharacterized protein | 0,16227 | 0,19047 | 0,14922 |
| PHW52 | Zm00001d004817 | Uncharacterized protein | 0,09304 | 0,10901 | 0,22638 |
| PHHB9 | Zm00001d004817 | Uncharacterized protein | 0,19876 | 0,06770 | 0,09945 |
| PA8637 | Zm00001d004817 | Uncharacterized protein | 0,02190 | 0,00001 | 0,02676 |
| PHW79 | Zm00001d004817 | Uncharacterized protein | 0,06964 | 0,14827 | 0,08218 |
| NC292 | Zm00001d005950 | Uncharacterized protein | 0,15833 | 0,19150 | 0,35733 |
| PHT10 | Zm00001d005950 | Uncharacterized protein | 0,10538 | 0,24213 | 0,35866 |
| PHW52 | Zm00001d005950 | Uncharacterized protein | 0,04813 | 0,20589 | 0,37717 |
| PHHB9 | Zm00001d005950 | Uncharacterized protein | 0,06255 | 0,24279 | 0,33283 |
| PA8637 | Zm00001d005950 | Uncharacterized protein | 0,12014 | 0,18000 | 0,36034 |
| NC292 | Zm00001d006193 | genebuilder | 0,02322 | 0,14609 | 0,23787 |
| PHT10 | Zm00001d006193 | genebuilder | 0,00883 | 0,04448 | 0,25966 |
| PHW52 | Zm00001d006193 | genebuilder | 0,00677 | 0,02840 | 0,33399 |
| PHHB9 | Zm00001d006193 | genebuilder | 0,00569 | 0,01064 | 0,10643 |
| PA8637 | Zm00001d006193 | genebuilder | 0,01560 | 0,03244 | 0,20621 |
| PHW79 | Zm00001d006193 | genebuilder | 0,05342 | 0,14246 | 0,08728 |
| NC292 | Zm00001d006663 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,10596 | 0,20936 | 0,13505 |
| PHT10 | Zm00001d006663 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,10197 | 0,17099 | 0,36668 |
| PHW52 | Zm00001d006663 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,20762 | 0,22596 | 0,46287 |
| PHHB9 | Zm00001d006663 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,10611 | 0,14006 | 0,28214 |
| PA8637 | Zm00001d006663 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,23530 | 0,13490 | 0,28019 |
| PHW79 | Zm00001d006663 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,17691 | 0,19415 | 0,09214 |
| NC292 | Zm00001d007267 | Chlorophyll a/b-binding apoprotein CP26 | 0,18502 | 0,34343 | 0,09002 |
| PHHB9 | Zm00001d007267 | Chlorophyll a/b-binding apoprotein CP26 | 0,26252 | 0,44106 | 0,47384 |
| PHW52 | Zm00001d007267 | Chlorophyll a/b-binding apoprotein CP26 | 0,20201 | 0,06090 | 0,46582 |
| PHHB9 | Zm00001d007267 | Chlorophyll a/b-binding apoprotein CP26 | 0,08701 | 0,06023 | 0,29270 |
| PA8637 | Zm00001d007267 | Chlorophyll a/b-binding apoprotein CP26 | 0,34767 | 0,05174 | 0,41512 |
| PHW79 | Zm00001d007267 | Chlorophyll a/b-binding apoprotein CP26 | 0,14794 | 0,20350 | 0,08300 |
| NC292 | Zm00001d007857 | genebuilder | 0,15876 | 0,32825 | 0,23118 |
| PHW52 | Zm00001d007857 | genebuilder | 0,19132 | 0,25708 | 0,38194 |
| PHHB9 | Zm00001d007857 | genebuilder | 0,08593 | 0,17795 | 0,24130 |
| PA8637 | Zm00001d007857 | genebuilder | 0,18935 | 0,22260 | 0,27356 |
| PHW79 | Zm00001d007857 | genebuilder | 0,19976 | 0,18193 | 0,17316 |
| NC292 | Zm00001d008230 | Uncharacterized protein | 0,20558 | 0,46566 | 0,23060 |
| PHW52 | Zm00001d008230 | Uncharacterized protein | 0,15076 | 0,10231 | 0,41129 |
| PHHB9 | Zm00001d008230 | Uncharacterized protein | 0,09562 | 0,11520 | 0,32479 |
| PA8637 | Zm00001d008230 | Uncharacterized protein | 0,27294 | 0,12820 | 0,42649 |
| PHW79 | Zm00001d008230 | Uncharacterized protein | 0,23086 | 0,29513 | 0,14451 |
| NC292 | Zm00001d008440 | Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein | 0,12581 | 0,22754 | 0,20961 |
| PHT10 | Zm00001d008440 | Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein | 0,13595 | 0,19224 | 0,29107 |
| PHW52 | Zm00001d008440 | Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein | 0,01190 | 0,13777 | 0,40041 |
| PHHB9 | Zm00001d008440 | Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein | 0,03182 | 0,11548 | 0,36117 |
| PA8637 | Zm00001d008440 | Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein | 0,22389 | 0,10227 | 0,25033 |
| NC292 | Zm00001d009248 | Uncharacterized protein | 0,19166 | 0,45995 | 0,20297 |
| PHT10 | Zm00001d009248 | Uncharacterized protein | 0,04516 | 0,13800 | 0,27583 |
| PHW52 | Zm00001d009248 | Uncharacterized protein | 0,00001 | 0,09159 | 0,23584 |
| PHHB9 | Zm00001d009248 | Uncharacterized protein | 0,02459 | 0,08369 | 0,14230 |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|---------|
| PA8637 | Zm00001d009248 | Uncharacterized protein | 0,00523 | 0,09545 | 0,10065 |
| PHW79 | Zm00001d009248 | Uncharacterized protein | 0,17791 | 0,08286 | 0,24665 |
| NC292 | Zm00001d009589 | M9%2C chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein | 0,14327 | 0,26760 | 0,13777 |
| PHB83 | Zm00001d009589 | M9%2C chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein | 0,21656 | 0,28105 | 0,33442 |
| PHT10 | Zm00001d009589 | M9%2C chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein | 0,03445 | 0,17215 | 0,38018 |
| PA8637 | Zm00001d009589 | M9%2C chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein | 0,14302 | 0,04560 | 0,26088 |
| PHW79 | Zm00001d009589 | M9%2C chloroplastic | 0,25545 | 0,25693 | 0,08705 |
| NC292 | Zm00001d009612 | Uncharacterized protein | 0,00406 | 0,08623 | 0,44205 |
| PHT10 | Zm00001d009612 | Uncharacterized protein | 0,00961 | 0,01723 | 0,07305 |
| PHW52 | Zm00001d009612 | Uncharacterized protein | 0,00791 | 0,03691 | 0,14837 |
| PHB89 | Zm00001d009612 | Uncharacterized protein | 0,26652 | 0,08453 | 0,07879 |
| PA8637 | Zm00001d009612 | Uncharacterized protein | 0,03829 | 0,03478 | 0,09673 |
| NC292 | Zm00001d009929 | Beta-propeller domain of methanol dehydrogenase type | 0,21746 | 0,26511 | 0,30101 |
| PHT10 | Zm00001d009929 | Beta-propeller domain of methanol dehydrogenase type | 0,18616 | 0,28974 | 0,36278 |
| PHW52 | Zm00001d009929 | Beta-propeller domain of methanol dehydrogenase type | 0,15584 | 0,27038 | 0,49983 |
| PHB89 | Zm00001d009929 | Beta-propeller domain of methanol dehydrogenase type | 0,07485 | 0,20633 | 0,29237 |
| PA8637 | Zm00001d009929 | Beta-propeller domain of methanol dehydrogenase type | 0,17818 | 0,24873 | 0,34122 |
| PHW79 | Zm00001d009929 | Beta-propeller domain of methanol dehydrogenase type | 0,27025 | 0,15754 | 0,19311 |
| NC292 | Zm00001d010672 | Metacaspase type II | 0,33936 | 0,27790 | 0,40849 |
| PHT10 | Zm00001d010672 | Metacaspase type II | 0,13055 | 0,31297 | 0,36097 |
| PHB89 | Zm00001d010672 | Metacaspase type II | 0,04807 | 0,18689 | 0,29835 |
| PA8637 | Zm00001d010672 | Metacaspase type II | 0,14403 | 0,23521 | 0,39314 |
| PHW79 | Zm00001d010672 | Metacaspase type II | 0,20795 | 0,20807 | 0,30951 |
| NC292 | Zm00001d010822 | Uncharacterized protein | 0,15335 | 0,20553 | 0,26639 |
| PHB83 | Zm00001d010822 | Uncharacterized protein | 0,19948 | 0,32295 | 0,44907 |
| PHW52 | Zm00001d010822 | Uncharacterized protein | 0,25150 | 0,36500 | 0,47788 |
| PHB89 | Zm00001d010822 | Uncharacterized protein | 0,12405 | 0,19998 | 0,30226 |
| PA8637 | Zm00001d010822 | Uncharacterized protein | 0,08091 | 0,15433 | 0,25110 |
| PHW79 | Zm00001d010822 | Uncharacterized protein | 0,20896 | 0,13880 | 0,15920 |
| NC292 | Zm00001d013146 | genebuilder | 0,14518 | 0,27515 | 0,15522 |
| PHT10 | Zm00001d013146 | genebuilder | 0,09521 | 0,17096 | 0,38775 |
| PHW52 | Zm00001d013146 | genebuilder | 0,23219 | 0,22209 | 0,45730 |
| PHB89 | Zm00001d013146 | genebuilder | 0,08733 | 0,12981 | 0,24611 |
| PA8637 | Zm00001d013146 | genebuilder | 0,26669 | 0,15857 | 0,28787 |
| PHW79 | Zm00001d013146 | genebuilder | 0,20273 | 0,21975 | 0,12605 |
| NC292 | Zm00001d013346 | | 0,14453 | 0,31586 | 0,39426 |
| PHW52 | Zm00001d013346 | | 0,31936 | 0,31874 | 0,24735 |
| PHB89 | Zm00001d013346 | | 0,19203 | 0,19374 | 0,12121 |
| PA8637 | Zm00001d013346 | | 0,02205 | 0,01698 | 0,06890 |
| PHW79 | Zm00001d013346 | | 0,12077 | 0,10568 | 0,25522 |
| NC292 | Zm00001d013532 | Defense-related protein | 0,11085 | 0,19530 | 0,34344 |
| PHT10 | Zm00001d013532 | Defense-related protein | 0,18855 | 0,19652 | 0,39369 |
| PHB89 | Zm00001d013532 | Defense-related protein | 0,17539 | 0,22072 | 0,38039 |
| PA8637 | Zm00001d013532 | Defense-related protein | 0,19877 | 0,40688 | 0,18427 |
| PHW79 | Zm00001d013532 | Defense-related protein | 0,04194 | 0,14132 | 0,15750 |
| NC292 | Zm00001d013937 | Uncharacterized protein | 0,17331 | 0,34629 | 0,19078 |
| PHB83 | Zm00001d013937 | Uncharacterized protein | 0,27178 | 0,34246 | 0,34047 |
| PHB89 | Zm00001d013937 | Uncharacterized protein | 0,12206 | 0,21690 | 0,34511 |
| PA8637 | Zm00001d013937 | Uncharacterized protein | 0,13470 | 0,10945 | 0,25535 |
| PHW79 | Zm00001d013937 | Uncharacterized protein | 0,22292 | 0,24274 | 0,11677 |
| NC292 | Zm00001d014284 | Uncharacterized protein | 0,31251 | 0,41280 | 0,33618 |
| PHW52 | Zm00001d014284 | Uncharacterized protein | 0,22693 | 0,28979 | 0,45708 |
| PHB89 | Zm00001d014284 | Uncharacterized protein | 0,12993 | 0,24797 | 0,34717 |
| PA8637 | Zm00001d014284 | Uncharacterized protein | 0,28351 | 0,29957 | 0,37897 |
| PHW79 | Zm00001d014284 | Uncharacterized protein | 0,26368 | 0,28215 | 0,20821 |
| NC292 | Zm00001d015084 | Uncharacterized protein | 0,20789 | 0,38605 | 0,39906 |
| PHT10 | Zm00001d015084 | Uncharacterized protein | 0,17744 | 0,19706 | 0,34703 |
| PHW52 | Zm00001d015084 | Uncharacterized protein | 0,18063 | 0,29626 | 0,47424 |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|---------|
| PHHB9 | Zm00001d015084 | Uncharacterized protein | 0,11810 | 0,18385 | 0,28262 |
| PHW79 | Zm00001d015084 | Uncharacterized protein | 0,08222 | 0,25965 | 0,26718 |
| NC292 | Zm00001d016802 | Uncharacterized protein | 0,24605 | 0,29281 | 0,34680 |
| PHT10 | Zm00001d016802 | Uncharacterized protein | 0,16640 | 0,24819 | 0,34046 |
| PHW52 | Zm00001d016802 | Uncharacterized protein | 0,12371 | 0,23054 | 0,36148 |
| PHHB9 | Zm00001d016802 | Uncharacterized protein | 0,11480 | 0,25536 | 0,29404 |
| PHW79 | Zm00001d016802 | Uncharacterized protein | 0,29042 | 0,24553 | 0,34397 |
| NC292 | Zm00001d017766 | genebuilder | 0,00149 | 0,04352 | 0,03920 |
| PHBB3 | Zm00001d017766 | genebuilder | 0,00886 | 0,12019 | 0,29921 |
| PHT10 | Zm00001d017766 | genebuilder | 0,00669 | 0,02318 | 0,17767 |
| PHW52 | Zm00001d017766 | genebuilder | 0,00001 | 0,00483 | 0,15134 |
| PHHB9 | Zm00001d017766 | genebuilder | 0,00234 | 0,00208 | 0,10997 |
| PHW79 | Zm00001d017766 | genebuilder | 0,02768 | 0,05518 | 0,08016 |
| NC292 | Zm00001d018779 | genebuilder | 0,17508 | 0,28666 | 0,15712 |
| PHT10 | Zm00001d018779 | genebuilder | 0,08664 | 0,12807 | 0,36841 |
| PHW52 | Zm00001d018779 | genebuilder | 0,20349 | 0,18818 | 0,31077 |
| PHHB9 | Zm00001d018779 | genebuilder | 0,08889 | 0,16254 | 0,18361 |
| PA8637 | Zm00001d018779 | genebuilder | 0,11982 | 0,10359 | 0,12905 |
| NC292 | Zm00001d019479 | Uncharacterized protein | 0,07288 | 0,24106 | 0,20524 |
| PHBB3 | Zm00001d019479 | Uncharacterized protein | 0,08058 | 0,17767 | 0,47823 |
| PHT10 | Zm00001d019479 | Uncharacterized protein | 0,02256 | 0,05211 | 0,28509 |
| PHHB9 | Zm00001d019479 | Uncharacterized protein | 0,02374 | 0,02879 | 0,06111 |
| PA8637 | Zm00001d019479 | Uncharacterized protein | 0,12505 | 0,05262 | 0,19398 |
| NC292 | Zm00001d020537 | MGDG synthase type A | 0,26000 | 0,37662 | 0,39538 |
| PHW52 | Zm00001d020537 | MGDG synthase type A | 0,27657 | 0,28719 | 0,39480 |
| PHHB9 | Zm00001d020537 | MGDG synthase type A | 0,15748 | 0,27132 | 0,27360 |
| PA8637 | Zm00001d020537 | MGDG synthase type A | 0,28419 | 0,30443 | 0,37318 |
| PHW79 | Zm00001d020537 | MGDG synthase type A | 0,22803 | 0,24060 | 0,29192 |
| PHBB3 | Zm00001d021177 | Putative uncharacterized protein | 0,02682 | 0,07136 | 0,18567 |
| PHT10 | Zm00001d021177 | Putative uncharacterized protein | 0,01990 | 0,03121 | 0,12934 |
| PHW52 | Zm00001d021177 | Putative uncharacterized protein | 0,00001 | 0,02839 | 0,10728 |
| PHHB9 | Zm00001d021177 | Putative uncharacterized protein | 0,01053 | 0,02124 | 0,03853 |
| PA8637 | Zm00001d021177 | Putative uncharacterized protein | 0,00692 | 0,05415 | 0,01429 |
| NC292 | Zm00001d021370 | Uncharacterized protein | 0,18914 | 0,30349 | 0,20797 |
| PHT10 | Zm00001d021370 | Uncharacterized protein | 0,15794 | 0,14510 | 0,35154 |
| PHW52 | Zm00001d021370 | Uncharacterized protein | 0,31239 | 0,34896 | 0,42905 |
| PHHB9 | Zm00001d021370 | Uncharacterized protein | 0,12142 | 0,20275 | 0,20448 |
| PA8637 | Zm00001d021370 | Uncharacterized protein | 0,31637 | 0,31531 | 0,27081 |
| NC292 | Zm00001d021497 | Actin-depolymerizing factor 1 | 0,16748 | 0,30701 | 0,32589 |
| PHW52 | Zm00001d021497 | Actin-depolymerizing factor 1 | 0,00001 | 0,04661 | 0,18069 |
| PHHB9 | Zm00001d021497 | Actin-depolymerizing factor 1 | 0,01671 | 0,05915 | 0,25231 |
| PA8637 | Zm00001d021497 | Actin-depolymerizing factor 1 | 0,02979 | 0,10462 | 0,31270 |
| PHW79 | Zm00001d021497 | Actin-depolymerizing factor 1 | 0,02322 | 0,14691 | 0,19720 |
| NC292 | Zm00001d021558 | | 0,13218 | 0,29798 | 0,25049 |
| PHBB3 | Zm00001d021558 | | 0,11743 | 0,34656 | 0,45643 |
| PHW52 | Zm00001d021558 | | 0,15783 | 0,27106 | 0,32566 |
| PHHB9 | Zm00001d021558 | | 0,11678 | 0,27504 | 0,30561 |
| PA8637 | Zm00001d021558 | | 0,15148 | 0,27351 | 0,28901 |
| PHW79 | Zm00001d021558 | | 0,19435 | 0,20884 | 0,27729 |
| NC292 | Zm00001d021703 | Oxygen-evolving enhancer protein 3-1%2C chloroplastic | 0,24093 | 0,40425 | 0,25216 |
| PHT10 | Zm00001d021703 | Oxygen-evolving enhancer protein 3-1%2C chloroplastic | 0,18112 | 0,22324 | 0,38825 |
| PHHB9 | Zm00001d021703 | Oxygen-evolving enhancer protein 3-1%2C chloroplastic | 0,14038 | 0,22565 | 0,32836 |
| PA8637 | Zm00001d021703 | Oxygen-evolving enhancer protein 3-1%2C chloroplastic | 0,36472 | 0,31819 | 0,34435 |
| PHW79 | Zm00001d021703 | Oxygen-evolving enhancer protein 3-1%2C chloroplastic | 0,24175 | 0,26452 | 0,18553 |
| NC292 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,13204 | 0,24026 | 0,07550 |
| PHBB3 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,20884 | 0,36716 | 0,40097 |
| PHT10 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,02256 | 0,14287 | 0,28231 |
| PHW52 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,08022 | 0,03599 | 0,48789 |
| PHHB9 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,08003 | 0,03414 | 0,32976 |
| PA8637 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,10806 | 0,01792 | 0,17563 |
| PHW79 | Zm00001d021763 | Uncharacterized protein | 0,27611 | 0,19759 | 0,06963 |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|---------|
| NC292 | Zm00001d021784 | Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type III | 0,16738 | 0,25415 | 0,10962 |
| PHBB3 | Zm00001d021784 | Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type III | 0,25253 | 0,38781 | 0,40570 |
| PHT10 | Zm00001d021784 | Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type III | 0,17200 | 0,25245 | 0,39981 |
| PHHB9 | Zm00001d021784 | Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type III | 0,12967 | 0,09160 | 0,30663 |
| PA8637 | Zm00001d021784 | Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type III | 0,27698 | 0,10458 | 0,33343 |
| PHW79 | Zm00001d021784 | Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type III | 0,16495 | 0,21763 | 0,13036 |
| NC292 | Zm00001d021906 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,12461 | 0,22661 | 0,11176 |
| PHW52 | Zm00001d021906 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,24344 | 0,14946 | 0,44864 |
| PHHB9 | Zm00001d021906 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,11513 | 0,10966 | 0,28421 |
| PA8637 | Zm00001d021906 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,22512 | 0,10242 | 0,36915 |
| PHW79 | Zm00001d021906 | Chlorophyll a-b binding protein | 0,14830 | 0,20059 | 0,09271 |
| NC292 | Zm00001d023536 | Magnesium-chelatase subunit chl | 0,14953 | 0,36781 | 0,27151 |
| PHW52 | Zm00001d023536 | Magnesium-chelatase subunit chl | 0,13494 | 0,20473 | 0,35030 |
| PHHB9 | Zm00001d023536 | Magnesium-chelatase subunit chl | 0,09808 | 0,18268 | 0,24838 |
| PA8637 | Zm00001d023536 | Magnesium-chelatase subunit chl | 0,17263 | 0,18656 | 0,24729 |
| PHW79 | Zm00001d023536 | Magnesium-chelatase subunit chl | 0,19586 | 0,23235 | 0,17236 |
| PHBB3 | Zm00001d023873 | genebuilder | 0,11970 | 0,45529 | 0,38521 |
| PHW52 | Zm00001d023873 | genebuilder | 0,03379 | 0,04093 | 0,03566 |
| PHHB9 | Zm00001d023873 | genebuilder | 0,00450 | 0,04043 | 0,04996 |
| PA8637 | Zm00001d023873 | genebuilder | 0,00557 | 0,03787 | 0,00001 |
| PHW79 | Zm00001d023873 | genebuilder | 0,05585 | 0,11005 | 0,06295 |
| NC292 | Zm00001d023929 | Plastidic 2-oxoglutarate/malate transporter | 0,22204 | 0,25390 | 0,43374 |
| PHT10 | Zm00001d023929 | Plastidic 2-oxoglutarate/malate transporter | 0,12778 | 0,18997 | 0,30428 |
| PHW52 | Zm00001d023929 | Plastidic 2-oxoglutarate/malate transporter | 0,11011 | 0,24763 | 0,42592 |
| PHHB9 | Zm00001d023929 | Plastidic 2-oxoglutarate/malate transporter | 0,06959 | 0,18351 | 0,24846 |
| PA8637 | Zm00001d023929 | Plastidic 2-oxoglutarate/malate transporter | 0,15444 | 0,22163 | 0,30846 |
| PHW79 | Zm00001d023929 | Plastidic 2-oxoglutarate/malate transporter | 0,16757 | 0,27025 | 0,33691 |
| NC292 | Zm00001d024471 | Uncharacterized protein | 0,04118 | 0,18905 | 0,16455 |
| PHBB3 | Zm00001d024471 | Uncharacterized protein | 0,03822 | 0,18870 | 0,47186 |
| PHT10 | Zm00001d024471 | Uncharacterized protein | 0,02991 | 0,06140 | 0,28646 |
| PHHB9 | Zm00001d024471 | Uncharacterized protein | 0,02711 | 0,11830 | 0,25366 |
| PA8637 | Zm00001d024471 | Uncharacterized protein | 0,09044 | 0,18150 | 0,32901 |
| NC292 | Zm00001d024519 | Uncharacterized protein | 0,26729 | 0,25350 | 0,36153 |
| PHT10 | Zm00001d024519 | Uncharacterized protein | 0,19826 | 0,22996 | 0,30988 |
| PHHB9 | Zm00001d024519 | Uncharacterized protein | 0,08066 | 0,25309 | 0,29994 |
| PA8637 | Zm00001d024519 | Uncharacterized protein | 0,18166 | 0,30644 | 0,38746 |
| PHW79 | Zm00001d024519 | Uncharacterized protein | 0,23900 | 0,17969 | 0,30654 |
| NC292 | Zm00001d025099 | Uncharacterized protein | 0,05408 | 0,11328 | 0,14662 |
| PHT10 | Zm00001d025099 | Uncharacterized protein | 0,03205 | 0,09333 | 0,33472 |
| PHW52 | Zm00001d025099 | Uncharacterized protein | 0,16276 | 0,15169 | 0,32199 |
| PHHB9 | Zm00001d025099 | Uncharacterized protein | 0,05431 | 0,07772 | 0,22934 |
| PA8637 | Zm00001d025099 | Uncharacterized protein | 0,05348 | 0,07334 | 0,13060 |
| NC292 | Zm00001d026599 | Uncharacterized protein | 0,05860 | 0,24006 | 0,10065 |
| PHBB3 | Zm00001d026599 | Uncharacterized protein | 0,10720 | 0,33083 | 0,40815 |
| PHT10 | Zm00001d026599 | Uncharacterized protein | 0,03972 | 0,11479 | 0,30236 |
| PHW52 | Zm00001d026599 | Uncharacterized protein | 0,03349 | 0,04606 | 0,32149 |
| PHHB9 | Zm00001d026599 | Uncharacterized protein | 0,04535 | 0,05794 | 0,21220 |
| PA8637 | Zm00001d026599 | Uncharacterized protein | 0,08021 | 0,03845 | 0,17606 |
| NC292 | Zm00001d027456 | Threonine endopeptidase | 0,18235 | 0,23497 | 0,25845 |
| PHT10 | Zm00001d027456 | Threonine endopeptidase | 0,05925 | 0,10952 | 0,14461 |
| PHHB9 | Zm00001d027456 | Threonine endopeptidase | 0,07991 | 0,15469 | 0,30306 |
| PA8637 | Zm00001d027456 | Threonine endopeptidase | 0,23771 | 0,17439 | 0,35580 |
| PHW79 | Zm00001d027456 | Threonine endopeptidase | 0,25475 | 0,24135 | 0,18429 |
| NC292 | Zm00001d028562 | Fructose-1%2C6-bisphosphatase | 0,26456 | 0,40842 | 0,32699 |
| PHT10 | Zm00001d028562 | Fructose-1%2C6-bisphosphatase | 0,08273 | 0,20016 | 0,36322 |
| PHW52 | Zm00001d028562 | Fructose-1%2C6-bisphosphatase | 0,29773 | 0,29687 | 0,48695 |
| PHHB9 | Zm00001d028562 | Fructose-1%2C6-bisphosphatase | 0,12145 | 0,20414 | 0,28030 |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|---------|
| PHW79 | Zm00001d028562 | Fructose-1%2C6-bisphosphatase | 0,14147 | 0,21538 | 0,24228 |
| NC292 | Zm00001d029049 | Uncharacterized protein | 0,17710 | 0,38794 | 0,21182 |
| PHT10 | Zm00001d029049 | Uncharacterized protein | 0,06193 | 0,13094 | 0,29251 |
| PHW52 | Zm00001d029049 | Uncharacterized protein | 0,16906 | 0,13838 | 0,49975 |
| PHHB9 | Zm00001d029049 | Uncharacterized protein | 0,09778 | 0,07975 | 0,26769 |
| PA8637 | Zm00001d029049 | Uncharacterized protein | 0,19053 | 0,17872 | 0,32014 |
| NC292 | Zm00001d029810 | C-4 methylsterol oxidase | 0,10299 | 0,22433 | 0,30346 |
| PHW52 | Zm00001d029810 | C-4 methylsterol oxidase | 0,13076 | 0,15080 | 0,33573 |
| PHHB9 | Zm00001d029810 | C-4 methylsterol oxidase | 0,07315 | 0,09022 | 0,23471 |
| PA8637 | Zm00001d029810 | C-4 methylsterol oxidase | 0,14448 | 0,12810 | 0,38150 |
| PHW79 | Zm00001d029810 | C-4 methylsterol oxidase | 0,12333 | 0,12142 | 0,16000 |
| NC292 | Zm00001d031421 | Thylakoid lumenal 19 kDa protein | 0,11900 | 0,28950 | 0,22830 |
| PHT10 | Zm00001d031421 | Thylakoid lumenal 19 kDa protein | 0,05659 | 0,06312 | 0,21124 |
| PHW52 | Zm00001d031421 | Thylakoid lumenal 19 kDa protein | 0,05292 | 0,16551 | 0,32885 |
| PHHB9 | Zm00001d031421 | Thylakoid lumenal 19 kDa protein | 0,05611 | 0,10167 | 0,22114 |
| PA8637 | Zm00001d031421 | Thylakoid lumenal 19 kDa protein | 0,08150 | 0,08656 | 0,14680 |
| NC292 | Zm00001d031484 | Thylakoid lumen protein | 0,20069 | 0,21935 | 0,40872 |
| PHT10 | Zm00001d031484 | Thylakoid lumen protein | 0,13620 | 0,22010 | 0,34939 |
| PHHB9 | Zm00001d031484 | Thylakoid lumen protein | 0,05658 | 0,12101 | 0,20310 |
| PA8637 | Zm00001d031484 | Thylakoid lumen protein | 0,17054 | 0,19872 | 0,39424 |
| PHW79 | Zm00001d031484 | Thylakoid lumen protein | 0,13848 | 0,17070 | 0,16611 |
| NC292 | Zm00001d032238 | genebuilder | 0,16780 | 0,26330 | 0,28345 |
| PHW52 | Zm00001d032238 | genebuilder | 0,11865 | 0,16878 | 0,26616 |
| PHHB9 | Zm00001d032238 | genebuilder | 0,06453 | 0,14174 | 0,15614 |
| PA8637 | Zm00001d032238 | genebuilder | 0,31222 | 0,27583 | 0,43003 |
| PHW79 | Zm00001d032238 | genebuilder | 0,03938 | 0,22678 | 0,21835 |
| NC292 | Zm00001d032331 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase | 0,35472 | 0,29917 | 0,31036 |
| PHT10 | Zm00001d032331 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase | 0,16150 | 0,28973 | 0,33397 |
| PHW52 | Zm00001d032331 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase | 0,12197 | 0,28679 | 0,46942 |
| PHHB9 | Zm00001d032331 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase | 0,06712 | 0,19064 | 0,26877 |
| PA8637 | Zm00001d032331 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase | 0,16641 | 0,29457 | 0,35832 |
| PHW79 | Zm00001d032331 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase | 0,17719 | 0,17371 | 0,26053 |
| NC292 | Zm00001d033061 | genebuilder | 0,23347 | 0,30377 | 0,30292 |
| PHW52 | Zm00001d033061 | genebuilder | 0,07310 | 0,28002 | 0,38432 |
| PHHB9 | Zm00001d033061 | genebuilder | 0,03106 | 0,22200 | 0,24434 |
| PA8637 | Zm00001d033061 | genebuilder | 0,13535 | 0,24876 | 0,35479 |
| PHW79 | Zm00001d033061 | genebuilder | 0,10720 | 0,27209 | 0,38635 |
| NC292 | Zm00001d033719 | genebuilder | 0,03531 | 0,14030 | 0,11104 |
| PHT10 | Zm00001d033719 | genebuilder | 0,01988 | 0,06991 | 0,36283 |
| PHW52 | Zm00001d033719 | genebuilder | 0,04241 | 0,02619 | 0,30311 |
| PHHB9 | Zm00001d033719 | genebuilder | 0,01973 | 0,03807 | 0,15661 |
| PA8637 | Zm00001d033719 | genebuilder | 0,20744 | 0,07072 | 0,35017 |
| NC292 | Zm00001d034283 | Photosystem I reaction center subunit III | 0,21997 | 0,34387 | 0,27126 |
| PHT10 | Zm00001d034283 | Photosystem I reaction center subunit III | 0,16979 | 0,22621 | 0,37545 |
| PHHB9 | Zm00001d034283 | Photosystem I reaction center subunit III | 0,14649 | 0,21895 | 0,29695 |
| PA8637 | Zm00001d034283 | Photosystem I reaction center subunit III | 0,30147 | 0,32338 | 0,33680 |
| PHW79 | Zm00001d034283 | Photosystem I reaction center subunit III | 0,17964 | 0,21115 | 0,17127 |
| NC292 | Zm00001d038205 | MLO-like protein | 0,19639 | 0,39653 | 0,37703 |
| PHT10 | Zm00001d038205 | MLO-like protein | 0,14274 | 0,21613 | 0,37089 |
| PHW52 | Zm00001d038205 | MLO-like protein | 0,09649 | 0,13790 | 0,24355 |
| PHHB9 | Zm00001d038205 | MLO-like protein | 0,08980 | 0,11454 | 0,17514 |
| PHW79 | Zm00001d038205 | MLO-like protein | 0,07733 | 0,11151 | 0,19429 |
| NC292 | Zm00001d038365 | Uncharacterized protein | 0,03810 | 0,04104 | 0,35582 |
| PHT10 | Zm00001d038365 | Uncharacterized protein | 0,02975 | 0,11931 | 0,17155 |
| PHHB9 | Zm00001d038365 | Uncharacterized protein | 0,04001 | 0,03864 | 0,16833 |
| PA8637 | Zm00001d038365 | Uncharacterized protein | 0,05249 | 0,07068 | 0,24828 |
| PHW79 | Zm00001d038365 | Uncharacterized protein | 0,04467 | 0,09604 | 0,14683 |
| NC292 | Zm00001d038579 | Phosphoglycerate kinase | 0,26699 | 0,21788 | 0,29038 |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|---------|
| PHT10 | Zm00001d038579 | Phosphoglycerate kinase | 0,15051 | 0,26423 | 0,32685 |
| PHHB9 | Zm00001d038579 | Phosphoglycerate kinase | 0,05759 | 0,17479 | 0,26568 |
| PA8637 | Zm00001d038579 | Phosphoglycerate kinase | 0,15808 | 0,19072 | 0,33138 |
| PHW79 | Zm00001d038579 | Phosphoglycerate kinase | 0,15505 | 0,18588 | 0,22656 |
| NC292 | Zm00001d038984 | Photosystem I reaction center subunit VI%2C chloroplastic | 0,18940 | 0,32856 | 0,17254 |
| PHT10 | Zm00001d038984 | Photosystem I reaction center subunit VI%2C chloroplastic | 0,12878 | 0,20174 | 0,39149 |
| PHHB9 | Zm00001d038984 | Photosystem I reaction center subunit VI%2C chloroplastic | 0,14205 | 0,19702 | 0,33249 |
| PA8637 | Zm00001d038984 | Photosystem I reaction center subunit VI%2C chloroplastic | 0,17232 | 0,13563 | 0,23500 |
| PHW79 | Zm00001d038984 | Photosystem I reaction center subunit VI%2C chloroplastic | 0,22139 | 0,21958 | 0,11507 |
| NC292 | Zm00001d040205 | Uncharacterized protein | 0,04330 | 0,21941 | 0,08268 |
| PHHB3 | Zm00001d040205 | Uncharacterized protein | 0,15560 | 0,36742 | 0,19747 |
| PHW52 | Zm00001d040205 | Uncharacterized protein | 0,01833 | 0,08978 | 0,44618 |
| PHHB9 | Zm00001d040205 | Uncharacterized protein | 0,00563 | 0,01319 | 0,06839 |
| PA8637 | Zm00001d040205 | Uncharacterized protein | 0,00001 | 0,01999 | 0,08117 |
| PHW79 | Zm00001d040205 | Uncharacterized protein | 0,20724 | 0,14273 | 0,22694 |
| NC292 | Zm00001d040210 | Putative uncharacterized protein | 0,23981 | 0,40695 | 0,34445 |
| PHT10 | Zm00001d040210 | Putative uncharacterized protein | 0,05447 | 0,16110 | 0,24067 |
| PHW52 | Zm00001d040210 | Putative uncharacterized protein | 0,01707 | 0,06937 | 0,28260 |
| PHHB9 | Zm00001d040210 | Putative uncharacterized protein | 0,02073 | 0,10877 | 0,29861 |
| PA8637 | Zm00001d040210 | Putative uncharacterized protein | 0,02505 | 0,12179 | 0,33658 |
| PHW79 | Zm00001d040210 | Putative uncharacterized protein | 0,05491 | 0,21441 | 0,29907 |
| NC292 | Zm00001d040764 | genebuilder | 0,37024 | 0,09996 | 0,44064 |
| PHHB3 | Zm00001d040764 | genebuilder | 0,02671 | 0,13667 | 0,34201 |
| PHW52 | Zm00001d040764 | genebuilder | 0,03066 | 0,06539 | 0,08132 |
| PHHB9 | Zm00001d040764 | genebuilder | 0,02517 | 0,10945 | 0,19120 |
| PHW79 | Zm00001d040764 | genebuilder | 0,06819 | 0,07614 | 0,25231 |
| NC292 | Zm00001d040784 | Uncharacterized protein | 0,22683 | 0,33070 | 0,43526 |
| PHT10 | Zm00001d040784 | Uncharacterized protein | 0,10917 | 0,26222 | 0,34552 |
| PHW52 | Zm00001d040784 | Uncharacterized protein | 0,06316 | 0,15022 | 0,43681 |
| PHHB9 | Zm00001d040784 | Uncharacterized protein | 0,03608 | 0,15615 | 0,23341 |
| PHW79 | Zm00001d040784 | Uncharacterized protein | 0,16884 | 0,18103 | 0,23387 |
| NC292 | Zm00001d041819 | Photosystem I reaction center subunit N | 0,15729 | 0,37879 | 0,21873 |
| PHW52 | Zm00001d041819 | Photosystem I reaction center subunit N | 0,25448 | 0,19552 | 0,41329 |
| PHHB9 | Zm00001d041819 | Photosystem I reaction center subunit N | 0,10165 | 0,15726 | 0,25054 |
| PA8637 | Zm00001d041819 | Photosystem I reaction center subunit N | 0,36949 | 0,25112 | 0,33650 |
| PHW79 | Zm00001d041819 | Photosystem I reaction center subunit N | 0,15639 | 0,25347 | 0,14831 |
| NC292 | Zm00001d042050 | Putative uncharacterized protein | 0,17036 | 0,24945 | 0,33354 |
| PHT10 | Zm00001d042050 | Putative uncharacterized protein | 0,08706 | 0,20846 | 0,33064 |
| PHW52 | Zm00001d042050 | Putative uncharacterized protein | 0,05996 | 0,20330 | 0,42764 |
| PHHB9 | Zm00001d042050 | Putative uncharacterized protein | 0,02465 | 0,10461 | 0,20791 |
| PHW79 | Zm00001d042050 | Putative uncharacterized protein | 0,08100 | 0,14297 | 0,22905 |
| NC292 | Zm00001d043374 | Peptide transporter PTR2 | 0,02464 | 0,17856 | 0,09252 |
| PHT10 | Zm00001d043374 | Peptide transporter PTR2 | 0,02385 | 0,05367 | 0,30335 |
| PHW52 | Zm00001d043374 | Peptide transporter PTR2 | 0,09734 | 0,09221 | 0,24348 |
| PHHB9 | Zm00001d043374 | Peptide transporter PTR2 | 0,01834 | 0,01393 | 0,05825 |
| PA8637 | Zm00001d043374 | Peptide transporter PTR2 | 0,10007 | 0,09643 | 0,17619 |
| NC292 | Zm00001d044099 | Carbonic anhydrase | 0,18028 | 0,16029 | 0,21507 |
| PHT10 | Zm00001d044099 | Carbonic anhydrase | 0,12604 | 0,22839 | 0,34891 |
| PHW52 | Zm00001d044099 | Carbonic anhydrase | 0,02974 | 0,17353 | 0,39856 |
| PHHB9 | Zm00001d044099 | Carbonic anhydrase | 0,01962 | 0,17743 | 0,26085 |
| PA8637 | Zm00001d044099 | Carbonic anhydrase | 0,06416 | 0,13637 | 0,38953 |
| PHW79 | Zm00001d044099 | Carbonic anhydrase | 0,10663 | 0,11204 | 0,22822 |
| NC292 | Zm00001d044376 | Membrane protein | 0,11117 | 0,19830 | 0,24118 |
| PHT10 | Zm00001d044376 | Membrane protein | 0,01798 | 0,06155 | 0,27024 |
| PHW52 | Zm00001d044376 | Membrane protein | 0,00001 | 0,01936 | 0,29388 |
| PHHB9 | Zm00001d044376 | Membrane protein | 0,00001 | 0,00001 | 0,09271 |
| PA8637 | Zm00001d044376 | Membrane protein | 0,02751 | 0,01522 | 0,12571 |
| NC292 | Zm00001d045620 | | 0,19239 | 0,29737 | 0,21248 |
| PHT10 | Zm00001d045620 | | 0,13910 | 0,19967 | 0,30743 |

Tabla A-I (Continuación)

| | | | | | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|--|---------------------|---------|---------|---------|----|----|
| PHHB9 | Zm00001d045620 | | 0,12838 | 0,22188 | 0,33412 | | | |
| PA8637 | Zm00001d045620 | | 0,19499 | 0,19627 | 0,28772 | | | |
| PHW79 | Zm00001d045620 | | 0,17745 | 0,25563 | 0,21327 | | | |
| NC292 | Zm00001d047532 | Photosystem II 11 kD protein | 0,12476 | 0,34899 | 0,15037 | | | |
| PHT10 | Zm00001d047532 | Photosystem II 11 kD protein | 0,03883 | 0,11741 | 0,32830 | | | |
| PHW52 | Zm00001d047532 | Photosystem II 11 kD protein | 0,14847 | 0,09222 | 0,35901 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d047532 | Photosystem II 11 kD protein | 0,06183 | 0,07916 | 0,24471 | | | |
| PA8637 | Zm00001d047532 | Photosystem II 11 kD protein | 0,11150 | 0,04281 | 0,07487 | | | |
| NC292 | Zm00001d047855 | genebuilder | 0,17497 | 0,35526 | 0,28524 | | | |
| PHW52 | Zm00001d047855 | genebuilder | 0,11527 | 0,18270 | 0,31578 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d047855 | genebuilder | 0,09457 | 0,18054 | 0,19885 | | | |
| PA8637 | Zm00001d047855 | genebuilder | 0,14776 | 0,29423 | 0,28322 | | | |
| PHW79 | Zm00001d047855 | genebuilder | 0,06417 | 0,21692 | 0,28116 | | | |
| NC292 | Zm00001d048703 | | 0,02348 | 0,19747 | 0,10575 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d048703 | | 0,03576 | 0,36374 | 0,40970 | | | |
| PHW52 | Zm00001d048703 | | 0,01635 | 0,03543 | 0,23810 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d048703 | | 0,00858 | 0,02734 | 0,17986 | | | |
| PA8637 | Zm00001d048703 | | 0,06647 | 0,07064 | 0,29382 | | | |
| PHW79 | Zm00001d048703 | | 0,04122 | 0,17421 | 0,15622 | | | |
| NC292 | Zm00001d048705 | Cytochrome P450 71C3 | 0,01694 | 0,08932 | 0,06363 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d048705 | Cytochrome P450 71C3 | 0,02653 | 0,16901 | 0,30534 | | | |
| PHT10 | Zm00001d048705 | Cytochrome P450 71C3 | 0,01570 | 0,08218 | 0,31471 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d048705 | Cytochrome P450 71C3 | 0,00858 | 0,00822 | 0,09526 | | | |
| PA8637 | Zm00001d048705 | Cytochrome P450 71C3 | 0,01694 | 0,02405 | 0,22253 | | | |
| NC292 | Zm00001d048737 | Uncharacterized protein | 0,04266 | 0,19270 | 0,30848 | | | |
| PHT10 | Zm00001d048737 | Uncharacterized protein | 0,04070 | 0,05919 | 0,24910 | | | |
| PHW52 | Zm00001d048737 | Uncharacterized protein | 0,04578 | 0,08046 | 0,36427 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d048737 | Uncharacterized protein | 0,02659 | 0,04070 | 0,14897 | | | |
| PA8637 | Zm00001d048737 | Uncharacterized protein | 0,06835 | 0,09522 | 0,20477 | | | |
| PHW79 | Zm00001d048737 | Uncharacterized protein | 0,03422 | 0,16910 | 0,18729 | | | |
| NC292 | Zm00001d048998 | genebuilder | 0,15503 | 0,25841 | 0,09177 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d048998 | genebuilder | 0,14683 | 0,30990 | 0,36343 | | | |
| PHW52 | Zm00001d048998 | genebuilder | 0,08484 | 0,06463 | 0,39256 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d048998 | genebuilder | 0,04738 | 0,05118 | 0,24087 | | | |
| PA8637 | Zm00001d048998 | genebuilder | 0,19652 | 0,08492 | 0,29782 | | | |
| PHW79 | Zm00001d048998 | genebuilder | 0,122942474 | 0,14877 | 0,07324 | | | |
| NC292 | Zm00001d050403 | Chlorophyll a-b binding protein 4 | 0,14382 | 0,25904 | 0,07126 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d050403 | Chlorophyll a-b binding protein 4 | 0,24442 | 0,44172 | 0,31223 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d050403 | Chlorophyll a-b binding protein 4 | 0,12736 | 0,07406 | 0,37632 | | | |
| PA8637 | Zm00001d050403 | Chlorophyll a-b binding protein 4 | 0,29028 | 0,06783 | 0,40746 | | | |
| PHW79 | Zm00001d050403 | Chlorophyll a-b binding protein 4 | 0,20287 | 0,23607 | 0,07867 | | | |
| NC292 | Zm00001d053015 | Fructose-bisphosphate aldolase | 0,17632 | 0,34891 | 0,35211 | | | |
| PHT10 | Zm00001d053015 | Fructose-bisphosphate aldolase | 0,07256 | 0,16978 | 0,28933 | | | |
| PHW52 | Zm00001d053015 | Fructose-bisphosphate aldolase | 0,07161 | 0,14961 | 0,33975 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d053015 | Fructose-bisphosphate aldolase | 0,03268 | 0,08148 | 0,13660 | | | |
| PA8637 | Zm00001d053015 | Fructose-bisphosphate aldolase | 0,09719 | 0,11341 | 0,14729 | | | |
| NC292 | Zm00001d053202 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,01330 | 0,14827 | 0,15606 | | | |
| PHT10 | Zm00001d053202 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,01623 | 0,12061 | 0,34305 | | | |
| PHW52 | Zm00001d053202 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,02653 | 0,05862 | 0,30238 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d053202 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,01864 | 0,04740 | 0,21489 | | | |
| PA8637 | Zm00001d053202 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,06721 | 0,01795 | 0,16603 | | | |
| NC292 | Zm00001d053974 | Uncharacterized protein | 0,10560 | 0,21781 | 0,38822 | | | |
| PHT10 | Zm00001d053974 | Uncharacterized protein | 0,11768 | 0,22021 | 0,35143 | | | |
| PHW52 | Zm00001d053974 | Uncharacterized protein | 0,03480 | 0,14197 | 0,22353 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d053974 | Uncharacterized protein | 0,03349 | 0,21950 | 0,18172 | | | |
| PHW79 | Zm00001d053974 | Uncharacterized protein | 0,05888 | 0,06981 | 0,22789 | | | |
| DEGs 60 days before senescence (BDS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (< 0.5) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| PHW52 | Zm00001d004330 | genebuilder | 0,09870 | 0,16834 | 0,14741 | 0,22354 | | |
| PHHB9 | Zm00001d004330 | genebuilder | 0,04945 | 0,10180 | 0,09078 | 0,27260 | | |
| PA8637 | Zm00001d004330 | genebuilder | 0,02559 | 0,04149 | 0,04843 | 0,12982 | | |

Tabla A-I (Continuación)

| PHT10 | Zm00001d007312 | genebuilder | 0,01591 | 0,00726 | 0,09713 | 0,15895 | | |
|--------------------------------------|-----------------|--|---------------------|---------|---------|---------|---------|---------|
| PHW52 | Zm00001d007312 | genebuilder | 0,00001 | 0,00840 | 0,09754 | 0,09640 | | |
| PHHB9 | Zm00001d007312 | genebuilder | 0,00001 | 0,00913 | 0,02401 | 0,20692 | | |
| PHW79 | Zm00001d007312 | genebuilder | 0,03236 | 0,00001 | 0,01030 | 0,03316 | | |
| PHW52 | Zm00001d010752 | Phosphatidylethanolamine-binding protein8 | 0,16001 | 0,11258 | 0,23351 | 0,29118 | | |
| PHHB9 | Zm00001d010752 | Phosphatidylethanolamine-binding protein8 | 0,05867 | 0,07927 | 0,14925 | 0,21032 | | |
| PA8637 | Zm00001d010752 | Phosphatidylethanolamine-binding protein8 | 0,04205 | 0,05209 | 0,09335 | 0,21496 | | |
| PHW52 | Zm00001d015569 | Vacuolar H ⁺ -translocating inorganic pyrophosphatase | 0,07179 | 0,19175 | 0,27400 | 0,19285 | | |
| PHHB9 | Zm00001d015569 | Vacuolar H ⁺ -translocating inorganic pyrophosphatase | 0,05516 | 0,14365 | 0,16432 | 0,26425 | | |
| PA8637 | Zm00001d015569 | Vacuolar H ⁺ -translocating inorganic pyrophosphatase | 0,09974 | 0,26507 | 0,29054 | 0,23401 | | |
| PHW52 | Zm00001d016691 | Uncharacterized protein | 0,20952 | 0,28818 | 0,32136 | 0,31843 | | |
| PHHB9 | Zm00001d016691 | Uncharacterized protein | 0,18923 | 0,18687 | 0,22362 | 0,30050 | | |
| PA8637 | Zm00001d016691 | Uncharacterized protein | 0,11604 | 0,13149 | 0,15423 | 0,19350 | | |
| PHW52 | Zm00001d017448 | Uncharacterized protein | 0,06184 | 0,06156 | 0,15681 | 0,45004 | | |
| PHHB9 | Zm00001d017448 | Uncharacterized protein | 0,02612 | 0,04751 | 0,08871 | 0,32535 | | |
| PHW79 | Zm00001d017448 | Uncharacterized protein | 0,03830 | 0,04136 | 0,06068 | 0,20072 | | |
| PHW52 | Zm00001d023870 | Uncharacterized protein | 0,00001 | 0,01153 | 0,01456 | 0,15818 | | |
| PHHB9 | Zm00001d023870 | Uncharacterized protein | 0,00653 | 0,00001 | 0,02792 | 0,21976 | | |
| PA8637 | Zm00001d023870 | Uncharacterized protein | 0,02705 | 0,00001 | 0,00757 | 0,02202 | | |
| PHW79 | Zm00001d023870 | Uncharacterized protein | 0,01090 | 0,00001 | 0,01664 | 0,05556 | | |
| PHHB9 | Zm00001d028399 | Thaumatococcus-like protein 1 | 0,02528 | 0,37271 | 0,12557 | 0,45694 | | |
| PA8637 | Zm00001d028399 | Thaumatococcus-like protein 1 | 0,06223 | 0,25807 | 0,06566 | 0,23167 | | |
| PHW79 | Zm00001d028399 | Thaumatococcus-like protein 1 | 0,00576 | 0,14956 | 0,28282 | 0,22783 | | |
| PHW52 | Zm00001d032318 | Uncharacterized protein | 0,02928 | 0,04303 | 0,08570 | 0,27752 | | |
| PA8637 | Zm00001d032318 | Uncharacterized protein | 0,00001 | 0,00496 | 0,09516 | 0,13447 | | |
| PHW79 | Zm00001d032318 | Uncharacterized protein | 0,02598 | 0,09033 | 0,06448 | 0,29590 | | |
| PHW52 | Zm00001d038725 | ZCN7 | 0,06502 | 0,04326 | 0,12563 | 0,36025 | | |
| PHHB9 | Zm00001d038725 | ZCN7 | 0,01478 | 0,02241 | 0,08949 | 0,31959 | | |
| PA8637 | Zm00001d038725 | ZCN7 | 0,12973 | 0,09362 | 0,16056 | 0,30543 | | |
| PHW52 | Zm00001d039301 | Vegetative storage protein PNI288 | 0,04844 | 0,01281 | 0,19928 | 0,17792 | | |
| PHHB9 | Zm00001d039301 | Vegetative storage protein PNI288 | 0,05676 | 0,01454 | 0,04900 | 0,20882 | | |
| PHW79 | Zm00001d039301 | Vegetative storage protein PNI288 | 0,17134 | 0,02963 | 0,31953 | 0,23033 | | |
| PHHB9 | Zm00001d044136 | Uncharacterized protein | 0,01835 | 0,01998 | 0,05110 | 0,26339 | | |
| PA8637 | Zm00001d044136 | Uncharacterized protein | 0,01703 | 0,00138 | 0,04344 | 0,26184 | | |
| PHW79 | Zm00001d044136 | Uncharacterized protein | 0,00804 | 0,05313 | 0,04908 | 0,13490 | | |
| PHT10 | Zm00001d051194 | Arginine decarboxylase | 0,00749 | 0,06562 | 0,00357 | 0,21756 | | |
| PHHB9 | Zm00001d051194 | Arginine decarboxylase | 0,00967 | 0,00849 | 0,04285 | 0,02405 | | |
| PA8637 | Zm00001d051194 | Arginine decarboxylase | 0,01291 | 0,04153 | 0,30577 | 0,32347 | | |
| PHW52 | Zm00001d053569 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,05042 | 0,17690 | 0,22836 | 0,39004 | | |
| PHHB9 | Zm00001d053569 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,03538 | 0,04570 | 0,09820 | 0,17059 | | |
| PHW79 | Zm00001d053569 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 0,02362 | 0,15766 | 0,36886 | 0,34240 | | |
| DEGs 75 days before senescence (BDS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (< 0.5) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| PHW52 | Zm00001d044396 | Chlorophyll a-b binding protein 48%2C chloroplast | 0,00632 | 0,00489 | 0,01106 | 0,15944 | 0,06481 | |
| PA8637 | Zm00001d044396 | Chlorophyll a-b binding protein 48%2C chloroplast | 0,00352 | 0,00001 | 0,00161 | 0,04868 | 0,00659 | |
| PHW79 | Zm00001d044396 | Chlorophyll a-b binding protein 48%2C chloroplast | 0,00357 | 0,00971 | 0,00261 | 0,04894 | 0,09678 | 0,02776 |
| PHW52 | Zm00001d044399 | genebuilder | 0,00001 | 0,02218 | 0,01019 | 0,25014 | 0,11731 | |
| PA8637 | Zm00001d044399 | genebuilder | 0,00887 | 0,00001 | 0,00114 | 0,07977 | 0,00487 | |
| PHW79 | Zm00001d044399 | genebuilder | 0,00278 | 0,00636 | 0,00203 | 0,03401 | 0,11377 | 0,02695 |

ANEXO II

Tabla A-II 32, 17, 108, 76 y 3 genes consistentes *up regulated* identificados durante la senescencia de líneas puras de maíz a los 15, 30, 45, 60 y 75 días antes de la senescencia, respectivamente.

| DEGs 15 days before senescence (BDS) | | | | | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|----------------------------|-------------------|----|----|----|----|----|
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (> 2) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| NC292 | Zm00001d000357 | | 2,51 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d000357 | | 2,77 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d000357 | | 6,22 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d000357 | | 3,65 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d000357 | | 2,34 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d000357 | | 10,79 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d002369 | genebuilder | 2,33 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d002369 | genebuilder | 2,01 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d002369 | genebuilder | 6,86 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d002369 | genebuilder | 2,75 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d002369 | genebuilder | 2,46 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d011066 | Protein kinase APK1A | 2,23 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d011066 | Protein kinase APK1A | 2,74 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d011066 | Protein kinase APK1A | 5,67 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d011066 | Protein kinase APK1A | 5,34 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d011066 | Protein kinase APK1A | 2,53 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d011066 | Protein kinase APK1A | 2,94 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d012448 | Uncharacterized protein | 2,04 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d012448 | Uncharacterized protein | 2,33 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d012448 | Uncharacterized protein | 5,54 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d012448 | Uncharacterized protein | 6,24 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d012448 | Uncharacterized protein | 3,69 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d012448 | Uncharacterized protein | 3,18 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d012647 | Protein COQ10 A | 3,75 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d012647 | Protein COQ10 A | 2,49 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d012647 | Protein COQ10 A | 3,93 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d012647 | Protein COQ10 A | 4,30 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d012647 | Protein COQ10 A | 2,60 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d012647 | Protein COQ10 A | 5,72 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d013220 | genebuilder | 2,11 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d013220 | genebuilder | 2,39 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d013220 | genebuilder | 3,59 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d013220 | genebuilder | 4,24 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d013220 | genebuilder | 3,73 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d014203 | Uncharacterized protein | 2,06 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d014203 | Uncharacterized protein | 3,94 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d014203 | Uncharacterized protein | 8,14 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d014203 | Uncharacterized protein | 2,80 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d014203 | Uncharacterized protein | 5,23 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d014587 | Uncharacterized protein | 3,05 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d014587 | Uncharacterized protein | 2,33 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d014587 | Uncharacterized protein | 3,48 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d014587 | Uncharacterized protein | 2,58 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d014587 | Uncharacterized protein | 2,66 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d015121 | Uncharacterized protein | 2,42 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d015121 | Uncharacterized protein | 5,80 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d015121 | Uncharacterized protein | 3,77 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d015121 | Uncharacterized protein | 2,06 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d015121 | Uncharacterized protein | 3,90 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d017752 | Transcription factor GT-3b | 4,00 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d017752 | Transcription factor GT-3b | 7,74 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d017752 | Transcription factor GT-3b | 29,82 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d017752 | Transcription factor GT-3b | 84,29 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d017752 | Transcription factor GT-3b | 47,60 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d017752 | Transcription factor GT-3b | 14,94 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d018159 | Alpha-amylase | 39,03 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d018159 | Alpha-amylase | 8,72 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d018159 | Alpha-amylase | 16,05 | | | | | |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | |
|--------|----------------|--|-------|
| PA8637 | Zm00001d018159 | Alpha-amylase | 24,50 |
| PHW79 | Zm00001d018159 | Alpha-amylase | 19,30 |
| NC292 | Zm00001d021628 | Putative uncharacterized protein | 3,12 |
| PHBB3 | Zm00001d021628 | Putative uncharacterized protein | 2,56 |
| PHW52 | Zm00001d021628 | Putative uncharacterized protein | 5,88 |
| PHHB9 | Zm00001d021628 | Putative uncharacterized protein | 9,67 |
| PA8637 | Zm00001d021628 | Putative uncharacterized protein | 6,52 |
| PHW79 | Zm00001d021628 | Putative uncharacterized protein | 40,12 |
| NC292 | Zm00001d024729 | Putative glycogen synthase kinase family protein | 2,31 |
| PHBB3 | Zm00001d024729 | Putative glycogen synthase kinase family protein | 2,11 |
| PHT10 | Zm00001d024729 | Putative glycogen synthase kinase family protein | 4,37 |
| PHHB9 | Zm00001d024729 | Putative glycogen synthase kinase family protein | 3,60 |
| PA8637 | Zm00001d024729 | Putative glycogen synthase kinase family protein | 2,73 |
| PHW79 | Zm00001d024729 | Putative glycogen synthase kinase family protein | 3,48 |
| NC292 | Zm00001d024755 | Pto kinase interactor 1 | 2,37 |
| PHBB3 | Zm00001d024755 | Pto kinase interactor 1 | 2,17 |
| PHT10 | Zm00001d024755 | Pto kinase interactor 1 | 3,42 |
| PHHB9 | Zm00001d024755 | Pto kinase interactor 1 | 4,44 |
| PA8637 | Zm00001d024755 | Pto kinase interactor 1 | 2,43 |
| PHW79 | Zm00001d024755 | Pto kinase interactor 1 | 5,08 |
| NC292 | Zm00001d025665 | AAP7 | 2,04 |
| PHBB3 | Zm00001d025665 | AAP7 | 2,88 |
| PHT10 | Zm00001d025665 | AAP7 | 3,86 |
| PHHB9 | Zm00001d025665 | AAP7 | 2,30 |
| PHW79 | Zm00001d025665 | AAP7 | 2,43 |
| NC292 | Zm00001d025667 | Uncharacterized protein | 3,11 |
| PHBB3 | Zm00001d025667 | Uncharacterized protein | 2,11 |
| PHT10 | Zm00001d025667 | Uncharacterized protein | 20,28 |
| PHHB9 | Zm00001d025667 | Uncharacterized protein | 6,41 |
| PA8637 | Zm00001d025667 | Uncharacterized protein | 3,60 |
| PHW79 | Zm00001d025667 | Uncharacterized protein | 4,92 |
| NC292 | Zm00001d025865 | Uncharacterized protein | 2,64 |
| PHBB3 | Zm00001d025865 | Uncharacterized protein | 2,31 |
| PHT10 | Zm00001d025865 | Uncharacterized protein | 4,10 |
| PHHB9 | Zm00001d025865 | Uncharacterized protein | 5,97 |
| PA8637 | Zm00001d025865 | Uncharacterized protein | 2,63 |
| PHW79 | Zm00001d025865 | Uncharacterized protein | 2,65 |
| NC292 | Zm00001d029684 | genebuilder | 2,60 |
| PHBB3 | Zm00001d029684 | genebuilder | 2,10 |
| PHW52 | Zm00001d029684 | genebuilder | 2,95 |
| PHHB9 | Zm00001d029684 | genebuilder | 5,83 |
| PA8637 | Zm00001d029684 | genebuilder | 2,75 |
| PHW79 | Zm00001d029684 | genebuilder | 2,99 |
| NC292 | Zm00001d030148 | Uncharacterized protein | 3,96 |
| PHBB3 | Zm00001d030148 | Uncharacterized protein | 2,41 |
| PHT10 | Zm00001d030148 | Uncharacterized protein | 3,91 |
| PHHB9 | Zm00001d030148 | Uncharacterized protein | 5,78 |
| PA8637 | Zm00001d030148 | Uncharacterized protein | 2,71 |
| PHW79 | Zm00001d030148 | Uncharacterized protein | 3,69 |
| PHBB3 | Zm00001d031209 | DIMBOA UDP-glucosyltransferase BX9 | 2,01 |
| PHT10 | Zm00001d031209 | DIMBOA UDP-glucosyltransferase BX9 | 4,51 |
| PHHB9 | Zm00001d031209 | DIMBOA UDP-glucosyltransferase BX9 | 2,72 |
| PA8637 | Zm00001d031209 | DIMBOA UDP-glucosyltransferase BX9 | 3,38 |
| PHW79 | Zm00001d031209 | DIMBOA UDP-glucosyltransferase BX9 | 4,78 |
| NC292 | Zm00001d034072 | UDP-glucose 6-dehydrogenase | 2,87 |
| PHBB3 | Zm00001d034072 | UDP-glucose 6-dehydrogenase | 2,01 |
| PHT10 | Zm00001d034072 | UDP-glucose 6-dehydrogenase | 3,41 |
| PA8637 | Zm00001d034072 | UDP-glucose 6-dehydrogenase | 2,49 |
| PHW79 | Zm00001d034072 | UDP-glucose 6-dehydrogenase | 4,09 |
| NC292 | Zm00001d035701 | Uncharacterized protein | 2,05 |
| PHBB3 | Zm00001d035701 | Uncharacterized protein | 2,10 |

Tabla A-II (Continuación)

| PHT10 | Zm00001d035701 | Uncharacterized protein | 4,33 | | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|--|-------------------|-------|----|----|----|----|
| PHHB9 | Zm00001d035701 | Uncharacterized protein | 3,46 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d035701 | Uncharacterized protein | 2,54 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d035701 | Uncharacterized protein | 2,45 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d037608 | Uncharacterized protein | 2,98 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d037608 | Uncharacterized protein | 4,41 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d037608 | Uncharacterized protein | 3,69 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d037608 | Uncharacterized protein | 6,73 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d037608 | Uncharacterized protein | 3,40 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d040324 | genebuilder | 17,44 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d040324 | genebuilder | 26,01 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d040324 | genebuilder | 10,06 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d040324 | genebuilder | 56,10 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d040324 | genebuilder | 17,67 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d041740 | SPF1-like DNA-binding protein | 2,37 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d041740 | SPF1-like DNA-binding protein | 2,25 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d041740 | SPF1-like DNA-binding protein | 4,41 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d041740 | SPF1-like DNA-binding protein | 5,18 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d041740 | SPF1-like DNA-binding protein | 2,71 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d044939 | Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 | 2,18 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d044939 | Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 | 4,01 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d044939 | Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 | 2,35 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d044939 | Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 | 2,14 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d044939 | Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 | 3,08 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d048908 | Uncharacterized protein | 2,25 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d048908 | Uncharacterized protein | 2,50 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d048908 | Uncharacterized protein | 3,42 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d048908 | Uncharacterized protein | 3,69 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d048908 | Uncharacterized protein | 2,25 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d048908 | Uncharacterized protein | 2,55 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d049100 | | 2,70 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d049100 | | 2,31 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d049100 | | 3,25 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d049100 | | 2,66 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d049100 | | 3,50 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d049643 | Uncharacterized protein | 2,29 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d049643 | Uncharacterized protein | 3,51 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d049643 | Uncharacterized protein | 4,52 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d049643 | Uncharacterized protein | 3,54 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d049643 | Uncharacterized protein | 5,11 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d051014 | | 2,28 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d051014 | | 2,03 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d051014 | | 3,60 | | | | | |
| PHW52 | Zm00001d051014 | | 2,91 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d051014 | | 5,34 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d051014 | | 2,37 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d051014 | | 2,70 | | | | | |
| NC292 | Zm00001d053236 | Putative RING zinc finger domain superfamily protein | 3,92 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d053236 | Putative RING zinc finger domain superfamily protein | 2,69 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d053236 | Putative RING zinc finger domain superfamily protein | 6,76 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d053236 | Putative RING zinc finger domain superfamily protein | 3,85 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d053236 | Putative RING zinc finger domain superfamily protein | 6,97 | | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d053648 | Uncharacterized protein | 2,05 | | | | | |
| PHT10 | Zm00001d053648 | Uncharacterized protein | 5,68 | | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d053648 | Uncharacterized protein | 3,20 | | | | | |
| PA8637 | Zm00001d053648 | Uncharacterized protein | 2,72 | | | | | |
| PHW79 | Zm00001d053648 | Uncharacterized protein | 11,30 | | | | | |
| DEGs 30 days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (> 2) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| NC292 | Zm00001d000017 | Germin-like protein | 93,20 | 12,73 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d000017 | Germin-like protein | 32,62 | 31,98 | | | | |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | |
|--------|----------------|---|----------|----------|
| PHT10 | Zm00001d000017 | Germin-like protein | 202,00 | 42,52 |
| PHHB9 | Zm00001d000017 | Germin-like protein | 10000,00 | 10000,00 |
| PHW79 | Zm00001d000017 | Germin-like protein | 128,63 | 19,50 |
| PHBB3 | Zm00001d003309 | Uncharacterized protein | 4,29 | 3,09 |
| PHT10 | Zm00001d003309 | Uncharacterized protein | 8,05 | 3,69 |
| PHW52 | Zm00001d003309 | Uncharacterized protein | 5,83 | 5,31 |
| PHHB9 | Zm00001d003309 | Uncharacterized protein | 9,71 | 4,41 |
| PA8637 | Zm00001d003309 | Uncharacterized protein | 4,70 | 3,42 |
| NC292 | Zm00001d009594 | Uncharacterized protein | 2,55 | 3,07 |
| PHBB3 | Zm00001d009594 | Uncharacterized protein | 3,32 | 3,05 |
| PHT10 | Zm00001d009594 | Uncharacterized protein | 16,97 | 2,54 |
| PHW52 | Zm00001d009594 | Uncharacterized protein | 9,38 | 7,88 |
| PA8637 | Zm00001d009594 | Uncharacterized protein | 6,03 | 4,41 |
| NC292 | Zm00001d024406 | Protein binding protein | 5,81 | 2,63 |
| PHBB3 | Zm00001d024406 | Protein binding protein | 5,07 | 2,56 |
| PHT10 | Zm00001d024406 | Protein binding protein | 6,67 | 4,19 |
| PA8637 | Zm00001d024406 | Protein binding protein | 5,66 | 2,85 |
| PHW79 | Zm00001d024406 | Protein binding protein | 4,64 | 4,86 |
| NC292 | Zm00001d026577 | Cysteine protease 1 | 3,61 | 2,62 |
| PHBB3 | Zm00001d026577 | Cysteine protease 1 | 4,39 | 2,26 |
| PHT10 | Zm00001d026577 | Cysteine protease 1 | 9,53 | 6,21 |
| PHW52 | Zm00001d026577 | Cysteine protease 1 | 3,60 | 5,18 |
| PA8637 | Zm00001d026577 | Cysteine protease 1 | 3,52 | 6,42 |
| PHW79 | Zm00001d026577 | Cysteine protease 1 | 10,71 | 5,08 |
| NC292 | Zm00001d027480 | Uncharacterized protein | 4,68 | 2,30 |
| PHBB3 | Zm00001d027480 | Uncharacterized protein | 4,35 | 2,75 |
| PHT10 | Zm00001d027480 | Uncharacterized protein | 19,66 | 3,29 |
| PHW52 | Zm00001d027480 | Uncharacterized protein | 4,55 | 6,70 |
| PA8637 | Zm00001d027480 | Uncharacterized protein | 5,31 | 5,32 |
| NC292 | Zm00001d031724 | genebuilder | 16,81 | 13,07 |
| PHBB3 | Zm00001d031724 | genebuilder | 138,41 | 7,01 |
| PHT10 | Zm00001d031724 | genebuilder | 703,60 | 9,57 |
| PHW52 | Zm00001d031724 | genebuilder | 46,20 | 147,92 |
| PA8637 | Zm00001d031724 | genebuilder | 394,41 | 184,10 |
| NC292 | Zm00001d036416 | Uncharacterized protein | 4,69 | 2,10 |
| PHBB3 | Zm00001d036416 | Uncharacterized protein | 3,02 | 2,13 |
| PHW52 | Zm00001d036416 | Uncharacterized protein | 5,37 | 3,41 |
| PHHB9 | Zm00001d036416 | Uncharacterized protein | 13,26 | 3,15 |
| PA8637 | Zm00001d036416 | Uncharacterized protein | 4,43 | 2,55 |
| NC292 | Zm00001d037281 | Uncharacterized protein | 25,78 | 8,61 |
| PHBB3 | Zm00001d037281 | Uncharacterized protein | 10000,00 | 10000,00 |
| PHT10 | Zm00001d037281 | Uncharacterized protein | 199,00 | 6,14 |
| PA8637 | Zm00001d037281 | Uncharacterized protein | 104,39 | 59,22 |
| PHW79 | Zm00001d037281 | Uncharacterized protein | 69,27 | 21,37 |
| PHBB3 | Zm00001d038320 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 10000,00 | 10000,00 |
| PHT10 | Zm00001d038320 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 2127,07 | 118,05 |
| PHW52 | Zm00001d038320 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 112,68 | 80,13 |
| PHHB9 | Zm00001d038320 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d038320 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 10000,00 | 10000,00 |
| NC292 | Zm00001d038924 | Uncharacterized protein | 3,49 | 2,16 |
| PHBB3 | Zm00001d038924 | Uncharacterized protein | 4,23 | 3,10 |
| PHT10 | Zm00001d038924 | Uncharacterized protein | 7,62 | 3,99 |
| PHHB9 | Zm00001d038924 | Uncharacterized protein | 12,57 | 2,85 |
| PA8637 | Zm00001d038924 | Uncharacterized protein | 5,69 | 3,28 |
| NC292 | Zm00001d043152 | Uncharacterized protein | 4,07 | 4,09 |
| PHBB3 | Zm00001d043152 | Uncharacterized protein | 2,93 | 2,59 |
| PHT10 | Zm00001d043152 | Uncharacterized protein | 9,29 | 3,70 |
| PHHB9 | Zm00001d043152 | Uncharacterized protein | 6,01 | 4,57 |
| PA8637 | Zm00001d043152 | Uncharacterized protein | 3,74 | 3,46 |
| PHBB3 | Zm00001d046132 | VQ motif family protein | 3,34 | 4,12 |
| PHW52 | Zm00001d046132 | VQ motif family protein | 8,84 | 10,38 |
| PHHB9 | Zm00001d046132 | VQ motif family protein | 20,45 | 6,20 |

Tabla A-II (Continuación)

| PA8637 | Zm00001d046132 | VQ motif family protein | 3,14 | 4,63 | | | | |
|--------------------------------------|-----------------|--------------------------------------|-------------------|----------|-------|----|----|----|
| PHW79 | Zm00001d046132 | VQ motif family protein | 7,58 | 3,62 | | | | |
| NC292 | Zm00001d046936 | Uncharacterized protein | 3,54 | 2,32 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d046936 | Uncharacterized protein | 3,45 | 2,97 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d046936 | Uncharacterized protein | 6,84 | 2,81 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d046936 | Uncharacterized protein | 3,91 | 2,88 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d046936 | Uncharacterized protein | 3,76 | 2,50 | | | | |
| NC292 | Zm00001d048335 | Uncharacterized protein | 3,53 | 2,57 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d048335 | Uncharacterized protein | 5,22 | 2,81 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d048335 | Uncharacterized protein | 24,41 | 2,94 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d048335 | Uncharacterized protein | 6,42 | 4,96 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d048335 | Uncharacterized protein | 74,13 | 77,42 | | | | |
| NC292 | Zm00001d049273 | Uncharacterized protein | 3,36 | 2,72 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d049273 | Uncharacterized protein | 2,80 | 2,49 | | | | |
| PHW52 | Zm00001d049273 | Uncharacterized protein | 3,01 | 2,67 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d049273 | Uncharacterized protein | 6,04 | 4,16 | | | | |
| PA8637 | Zm00001d049273 | Uncharacterized protein | 2,61 | 2,32 | | | | |
| NC292 | Zm00001d049421 | Uncharacterized protein | 21,75 | 19,22 | | | | |
| PHBB3 | Zm00001d049421 | Uncharacterized protein | 21,96 | 24,44 | | | | |
| PHT10 | Zm00001d049421 | Uncharacterized protein | 31,91 | 9,51 | | | | |
| PHHB9 | Zm00001d049421 | Uncharacterized protein | 218,50 | 19,27 | | | | |
| PHW79 | Zm00001d049421 | Uncharacterized protein | 10000,00 | 10000,00 | | | | |
| DEGs 45 days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (> 2) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| NC292 | Zm00001d001832 | Uncharacterized protein | 21,00 | 11,90 | 4,33 | | | |
| PHT10 | Zm00001d001832 | Uncharacterized protein | 198,24 | 24,48 | 7,95 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d001832 | Uncharacterized protein | 144,43 | 20,91 | 12,13 | | | |
| PA8637 | Zm00001d001832 | Uncharacterized protein | 11,86 | 8,94 | 3,53 | | | |
| PHW79 | Zm00001d001832 | Uncharacterized protein | 42,52 | 9,29 | 6,39 | | | |
| NC292 | Zm00001d002035 | Nuclease PA3 | 50,81 | 15,39 | 11,10 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d002035 | Nuclease PA3 | 251,21 | 31,67 | 10,81 | | | |
| PHT10 | Zm00001d002035 | Nuclease PA3 | 609,35 | 38,05 | 7,87 | | | |
| PHW52 | Zm00001d002035 | Nuclease PA3 | 247,69 | 193,49 | 21,22 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d002035 | Nuclease PA3 | 126,49 | 13,62 | 8,84 | | | |
| PHW79 | Zm00001d002035 | Nuclease PA3 | 951,45 | 68,25 | 49,93 | | | |
| NC292 | Zm00001d002285 | NAC domain-containing protein 21/22 | 18,32 | 7,59 | 2,84 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d002285 | NAC domain-containing protein 21/22 | 633,64 | 96,75 | 30,34 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d002285 | NAC domain-containing protein 21/22 | 184,72 | 28,32 | 7,97 | | | |
| PA8637 | Zm00001d002285 | NAC domain-containing protein 21/22 | 197,59 | 139,20 | 33,29 | | | |
| PHW79 | Zm00001d002285 | NAC domain-containing protein 21/22 | 20,47 | 14,11 | 5,67 | | | |
| NC292 | Zm00001d002564 | Uncharacterized protein | 376,01 | 152,53 | 24,56 | | | |
| PHT10 | Zm00001d002564 | Uncharacterized protein | 6356,95 | 130,22 | 52,17 | | | |
| PHW52 | Zm00001d002564 | Uncharacterized protein | 75,27 | 69,94 | 14,34 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d002564 | Uncharacterized protein | 851,35 | 105,16 | 29,64 | | | |
| PA8637 | Zm00001d002564 | Uncharacterized protein | 59,85 | 33,40 | 9,19 | | | |
| PHW79 | Zm00001d002564 | Uncharacterized protein | 462,12 | 87,42 | 51,93 | | | |
| NC292 | Zm00001d002614 | Uncharacterized protein | 4,96 | 4,29 | 3,48 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d002614 | Uncharacterized protein | 28,15 | 10,93 | 4,59 | | | |
| PHT10 | Zm00001d002614 | Uncharacterized protein | 118,11 | 19,19 | 3,28 | | | |
| PHW52 | Zm00001d002614 | Uncharacterized protein | 117,73 | 52,95 | 21,84 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d002614 | Uncharacterized protein | 146,91 | 23,42 | 15,80 | | | |
| PA8637 | Zm00001d002614 | Uncharacterized protein | 5,45 | 3,10 | 2,63 | | | |
| NC292 | Zm00001d003048 | Disease resistance gene analog PIC17 | 4,85 | 2,36 | 2,18 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d003048 | Disease resistance gene analog PIC17 | 2,89 | 2,58 | 3,79 | | | |
| PHT10 | Zm00001d003048 | Disease resistance gene analog PIC17 | 56,08 | 7,35 | 3,63 | | | |
| PHW52 | Zm00001d003048 | Disease resistance gene analog PIC17 | 18,12 | 23,88 | 2,74 | | | |
| PHW79 | Zm00001d003048 | Disease resistance gene analog PIC17 | 44,97 | 15,44 | 11,22 | | | |
| NC292 | Zm00001d003101 | genebuilder | 8,60 | 4,75 | 3,07 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d003101 | genebuilder | 6,83 | 3,12 | 2,40 | | | |
| PHW52 | Zm00001d003101 | genebuilder | 14,55 | 11,27 | 2,95 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d003101 | genebuilder | 22,29 | 8,56 | 4,54 | | | |
| PHW79 | Zm00001d003101 | genebuilder | 13,79 | 5,88 | 6,45 | | | |
| PHT10 | Zm00001d005306 | Uncharacterized protein | 6,91 | 3,36 | 2,87 | | | |
| PHW52 | Zm00001d005306 | Uncharacterized protein | 4,75 | 2,75 | 2,40 | | | |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|--|--------|--------|-------|
| PHHB9 | Zm00001d005306 | Uncharacterized protein | 11,91 | 4,23 | 3,69 |
| PA8637 | Zm00001d005306 | Uncharacterized protein | 5,26 | 3,12 | 2,55 |
| PHW79 | Zm00001d005306 | Uncharacterized protein | 5,61 | 4,12 | 2,71 |
| NC292 | Zm00001d005343 | Nucleoside N-ribohydrolase 3 | 4,49 | 2,35 | 2,87 |
| PHW52 | Zm00001d005343 | Nucleoside N-ribohydrolase 3 | 7,25 | 4,67 | 3,57 |
| PHHB9 | Zm00001d005343 | Nucleoside N-ribohydrolase 3 | 6,78 | 3,62 | 3,48 |
| PA8637 | Zm00001d005343 | Nucleoside N-ribohydrolase 3 | 4,97 | 3,60 | 3,15 |
| PHW79 | Zm00001d005343 | Nucleoside N-ribohydrolase 3 | 6,32 | 3,41 | 2,75 |
| NC292 | Zm00001d005392 | Uncharacterized protein | 2,35 | 2,84 | 2,07 |
| PHT10 | Zm00001d005392 | Uncharacterized protein | 25,62 | 5,80 | 2,96 |
| PHW52 | Zm00001d005392 | Uncharacterized protein | 15,71 | 10,60 | 3,56 |
| PHHB9 | Zm00001d005392 | Uncharacterized protein | 38,42 | 15,22 | 8,16 |
| PA8637 | Zm00001d005392 | Uncharacterized protein | 9,22 | 4,58 | 3,84 |
| PHW79 | Zm00001d005392 | Uncharacterized protein | 25,40 | 12,23 | 8,31 |
| PHBB3 | Zm00001d006526 | Uncharacterized protein | 39,75 | 16,92 | 6,15 |
| PHW52 | Zm00001d006526 | Uncharacterized protein | 29,10 | 32,51 | 3,25 |
| PHHB9 | Zm00001d006526 | Uncharacterized protein | 701,20 | 141,28 | 36,23 |
| PA8637 | Zm00001d006526 | Uncharacterized protein | 52,56 | 11,88 | 5,33 |
| PHW79 | Zm00001d006526 | Uncharacterized protein | 112,61 | 23,40 | 12,75 |
| PHBB3 | Zm00001d006531 | genebuilder | 4,50 | 6,78 | 2,27 |
| PHT10 | Zm00001d006531 | genebuilder | 56,73 | 52,89 | 36,21 |
| PHW52 | Zm00001d006531 | genebuilder | 4,71 | 2,96 | 2,73 |
| PA8637 | Zm00001d006531 | genebuilder | 9,82 | 4,02 | 4,10 |
| PHW79 | Zm00001d006531 | genebuilder | 18,83 | 12,36 | 6,52 |
| NC292 | Zm00001d007180 | Uncharacterized protein | 3,73 | 4,34 | 4,47 |
| PHBB3 | Zm00001d007180 | Uncharacterized protein | 4,52 | 5,23 | 2,26 |
| PHW52 | Zm00001d007180 | Uncharacterized protein | 4,59 | 9,84 | 2,52 |
| PHHB9 | Zm00001d007180 | Uncharacterized protein | 3,77 | 8,75 | 3,08 |
| PHW79 | Zm00001d007180 | Uncharacterized protein | 6,87 | 6,05 | 7,76 |
| NC292 | Zm00001d008651 | Pyruvate decarboxylase isozyme 2 | 6,48 | 2,44 | 2,10 |
| PHT10 | Zm00001d008651 | Pyruvate decarboxylase isozyme 2 | 11,52 | 7,24 | 3,00 |
| PHW52 | Zm00001d008651 | Pyruvate decarboxylase isozyme 2 | 4,22 | 2,54 | 2,47 |
| PHHB9 | Zm00001d008651 | Pyruvate decarboxylase isozyme 2 | 9,47 | 4,77 | 5,41 |
| PHW79 | Zm00001d008651 | Pyruvate decarboxylase isozyme 2 | 3,63 | 2,80 | 3,22 |
| NC292 | Zm00001d008974 | Carnitine/acylcarnitine carrier-like protein | 11,77 | 3,32 | 3,72 |
| PHBB3 | Zm00001d008974 | Carnitine/acylcarnitine carrier-like protein | 21,45 | 6,72 | 4,41 |
| PHW52 | Zm00001d008974 | Carnitine/acylcarnitine carrier-like protein | 30,35 | 31,40 | 14,57 |
| PHHB9 | Zm00001d008974 | Carnitine/acylcarnitine carrier-like protein | 27,59 | 7,73 | 6,41 |
| PA8637 | Zm00001d008974 | Carnitine/acylcarnitine carrier-like protein | 12,18 | 19,12 | 7,47 |
| PHW79 | Zm00001d008974 | Carnitine/acylcarnitine carrier-like protein | 19,41 | 3,82 | 3,95 |
| NC292 | Zm00001d009365 | Uncharacterized protein | 11,65 | 6,58 | 2,70 |
| PHW52 | Zm00001d009365 | Uncharacterized protein | 31,95 | 37,51 | 6,21 |
| PHHB9 | Zm00001d009365 | Uncharacterized protein | 27,86 | 5,78 | 4,28 |
| PA8637 | Zm00001d009365 | Uncharacterized protein | 27,09 | 21,42 | 5,82 |
| PHW79 | Zm00001d009365 | Uncharacterized protein | 9,25 | 5,00 | 5,96 |
| NC292 | Zm00001d009580 | Uncharacterized protein | 2,74 | 2,79 | 2,31 |
| PHW52 | Zm00001d009580 | Uncharacterized protein | 3,19 | 3,25 | 2,30 |
| PHHB9 | Zm00001d009580 | Uncharacterized protein | 3,58 | 3,47 | 2,90 |
| PA8637 | Zm00001d009580 | Uncharacterized protein | 4,66 | 3,79 | 3,60 |
| PHW79 | Zm00001d009580 | Uncharacterized protein | 6,04 | 2,77 | 2,96 |
| NC292 | Zm00001d010056 | Uncharacterized protein | 4,05 | 2,80 | 4,09 |
| PHW52 | Zm00001d010056 | Uncharacterized protein | 6,69 | 5,70 | 2,40 |
| PHHB9 | Zm00001d010056 | Uncharacterized protein | 10,39 | 7,84 | 4,11 |
| PA8637 | Zm00001d010056 | Uncharacterized protein | 2,92 | 4,05 | 2,75 |
| PHW79 | Zm00001d010056 | Uncharacterized protein | 5,70 | 3,36 | 4,49 |
| NC292 | Zm00001d011422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 8,48 | 7,70 | 2,67 |
| PHBB3 | Zm00001d011422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 14,25 | 7,94 | 2,66 |
| PHW52 | Zm00001d011422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 5,69 | 4,27 | 3,90 |
| PHHB9 | Zm00001d011422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 5,28 | 3,53 | 3,81 |
| PA8637 | Zm00001d011422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 7,47 | 4,74 | 3,56 |
| NC292 | Zm00001d011477 | Triacylglycerol lipase | 6,96 | 7,16 | 5,22 |
| PHBB3 | Zm00001d011477 | Triacylglycerol lipase | 18,29 | 3,25 | 3,67 |
| PHW52 | Zm00001d011477 | Triacylglycerol lipase | 7,27 | 14,46 | 7,57 |
| PHHB9 | Zm00001d011477 | Triacylglycerol lipase | 22,71 | 32,87 | 28,98 |
| PA8637 | Zm00001d011477 | Triacylglycerol lipase | 4,56 | 5,86 | 5,24 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|----------|----------|----------|
| PHW79 | Zm00001d011477 | Triacylglycerol lipase | 18,02 | 16,09 | 14,40 |
| NC292 | Zm00001d011638 | Uncharacterized protein | 5,55 | 3,17 | 2,43 |
| PHT10 | Zm00001d011638 | Uncharacterized protein | 9,10 | 4,81 | 3,17 |
| PHW52 | Zm00001d011638 | Uncharacterized protein | 7,41 | 7,05 | 3,63 |
| PHHB9 | Zm00001d011638 | Uncharacterized protein | 14,00 | 7,39 | 4,15 |
| PA8637 | Zm00001d011638 | Uncharacterized protein | 5,59 | 4,01 | 2,70 |
| NC292 | Zm00001d011644 | Uncharacterized protein | 12,46 | 4,66 | 4,06 |
| PHW52 | Zm00001d011644 | Uncharacterized protein | 6,75 | 6,20 | 3,79 |
| PHHB9 | Zm00001d011644 | Uncharacterized protein | 24,92 | 14,60 | 18,14 |
| PA8637 | Zm00001d011644 | Uncharacterized protein | 7,46 | 4,37 | 4,83 |
| PHW79 | Zm00001d011644 | Uncharacterized protein | 5,88 | 5,33 | 5,01 |
| NC292 | Zm00001d011881 | Uncharacterized protein | 7,96 | 5,75 | 7,29 |
| PHBB3 | Zm00001d011881 | Uncharacterized protein | 6,57 | 4,20 | 2,35 |
| PHW52 | Zm00001d011881 | Uncharacterized protein | 6,19 | 12,16 | 3,37 |
| PHHB9 | Zm00001d011881 | Uncharacterized protein | 19,63 | 13,78 | 4,61 |
| PHW79 | Zm00001d011881 | Uncharacterized protein | 7,29 | 5,96 | 9,04 |
| NC292 | Zm00001d012091 | Pro-resilin | 3,15 | 3,59 | 3,09 |
| PHBB3 | Zm00001d012091 | Pro-resilin | 11,71 | 2,98 | 3,72 |
| PHT10 | Zm00001d012091 | Pro-resilin | 26,69 | 9,81 | 5,33 |
| PHW52 | Zm00001d012091 | Pro-resilin | 34,20 | 47,62 | 22,88 |
| PA8637 | Zm00001d012091 | Pro-resilin | 16,60 | 15,29 | 8,33 |
| PHW79 | Zm00001d012091 | Pro-resilin | 45,24 | 9,30 | 11,12 |
| NC292 | Zm00001d012292 | Putative O-glycosyl hydrolase family 17 protein | 67,13 | 87,81 | 40,86 |
| PHBB3 | Zm00001d012292 | Putative O-glycosyl hydrolase family 17 protein | 185,23 | 49,20 | 12,27 |
| PHT10 | Zm00001d012292 | Putative O-glycosyl hydrolase family 17 protein | 1933,80 | 79,81 | 17,32 |
| PHHB9 | Zm00001d012292 | Putative O-glycosyl hydrolase family 17 protein | 664,75 | 72,77 | 41,67 |
| PA8637 | Zm00001d012292 | Putative O-glycosyl hydrolase family 17 protein | 45,00 | 127,46 | 11,00 |
| PHW79 | Zm00001d012292 | Putative O-glycosyl hydrolase family 17 protein | 261,26 | 16,01 | 12,73 |
| NC292 | Zm00001d013445 | Putative uncharacterized protein | 7,49 | 3,10 | 2,81 |
| PHW52 | Zm00001d013445 | Putative uncharacterized protein | 19,08 | 18,96 | 6,09 |
| PHHB9 | Zm00001d013445 | Putative uncharacterized protein | 15,74 | 8,76 | 5,17 |
| PA8637 | Zm00001d013445 | Putative uncharacterized protein | 7,83 | 11,47 | 5,53 |
| PHW79 | Zm00001d013445 | Putative uncharacterized protein | 11,41 | 3,56 | 3,38 |
| NC292 | Zm00001d014074 | genebuilder | 51,46 | 53,11 | 18,09 |
| PHT10 | Zm00001d014074 | genebuilder | 318,67 | 25,74 | 11,35 |
| PHW52 | Zm00001d014074 | genebuilder | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PHHB9 | Zm00001d014074 | genebuilder | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d014074 | genebuilder | 36,11 | 41,47 | 8,02 |
| PHW79 | Zm00001d014074 | genebuilder | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| NC292 | Zm00001d014166 | genebuilder | 11,56 | 3,68 | 2,61 |
| PHBB3 | Zm00001d014166 | genebuilder | 36,86 | 5,95 | 4,85 |
| PHT10 | Zm00001d014166 | genebuilder | 189,94 | 82,07 | 9,93 |
| PHW52 | Zm00001d014166 | genebuilder | 20,04 | 66,56 | 28,19 |
| PHHB9 | Zm00001d014166 | genebuilder | 23,50 | 20,73 | 18,52 |
| PA8637 | Zm00001d014166 | genebuilder | 7,57 | 10,18 | 9,64 |
| NC292 | Zm00001d014335 | genebuilder | 66,17 | 20,09 | 4,42 |
| PHT10 | Zm00001d014335 | genebuilder | 18,27 | 9,80 | 4,32 |
| PHW52 | Zm00001d014335 | genebuilder | 14,50 | 8,57 | 5,13 |
| PA8637 | Zm00001d014335 | genebuilder | 11,81 | 4,41 | 5,89 |
| PHW79 | Zm00001d014335 | genebuilder | 70,03 | 20,68 | 8,29 |
| NC292 | Zm00001d015205 | | 3,73 | 2,37 | 2,45 |
| PHW52 | Zm00001d015205 | | 8,02 | 5,62 | 3,29 |
| PHHB9 | Zm00001d015205 | | 10,40 | 5,01 | 4,01 |
| PA8637 | Zm00001d015205 | | 5,73 | 4,01 | 2,69 |
| PHW79 | Zm00001d015205 | | 8,52 | 4,96 | 4,05 |
| NC292 | Zm00001d015521 | Uncharacterized protein | 4,56 | 3,56 | 2,74 |
| PHT10 | Zm00001d015521 | Uncharacterized protein | 3,98 | 4,20 | 3,06 |
| PHW52 | Zm00001d015521 | Uncharacterized protein | 5,19 | 3,72 | 2,74 |
| PHHB9 | Zm00001d015521 | Uncharacterized protein | 5,67 | 2,66 | 3,13 |
| PA8637 | Zm00001d015521 | Uncharacterized protein | 3,69 | 2,44 | 2,82 |
| NC292 | Zm00001d016103 | genebuilder | 8,13 | 4,98 | 4,23 |
| PHW52 | Zm00001d016103 | genebuilder | 10,82 | 4,78 | 7,95 |
| PHHB9 | Zm00001d016103 | genebuilder | 148,57 | 22,68 | 22,55 |
| PA8637 | Zm00001d016103 | genebuilder | 24,42 | 6,98 | 14,77 |
| PHW79 | Zm00001d016103 | genebuilder | 53,10 | 17,70 | 7,71 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|----------------------------------|---------|--------|--------|
| NC292 | Zm00001d016166 | Phosphoenolpyruvate carboxylase | 9,54 | 4,28 | 4,92 |
| PHW52 | Zm00001d016166 | Phosphoenolpyruvate carboxylase | 3,84 | 5,89 | 2,92 |
| PHHB9 | Zm00001d016166 | Phosphoenolpyruvate carboxylase | 10,43 | 6,63 | 5,00 |
| PA8637 | Zm00001d016166 | Phosphoenolpyruvate carboxylase | 6,24 | 5,66 | 4,63 |
| PHW79 | Zm00001d016166 | Phosphoenolpyruvate carboxylase | 8,81 | 4,09 | 6,47 |
| NC292 | Zm00001d016483 | Uncharacterized protein | 6,04 | 2,88 | 2,20 |
| PHW52 | Zm00001d016483 | Uncharacterized protein | 13,37 | 11,04 | 5,12 |
| PHHB9 | Zm00001d016483 | Uncharacterized protein | 14,88 | 6,43 | 4,76 |
| PA8637 | Zm00001d016483 | Uncharacterized protein | 5,91 | 3,52 | 3,20 |
| PHW79 | Zm00001d016483 | Uncharacterized protein | 7,96 | 3,54 | 3,11 |
| NC292 | Zm00001d016664 | Uncharacterized protein | 14,00 | 3,74 | 3,70 |
| PHBB3 | Zm00001d016664 | Uncharacterized protein | 9,24 | 3,67 | 2,08 |
| PHW52 | Zm00001d016664 | Uncharacterized protein | 17,49 | 13,44 | 5,32 |
| PHHB9 | Zm00001d016664 | Uncharacterized protein | 30,21 | 9,61 | 5,86 |
| PHW79 | Zm00001d016664 | Uncharacterized protein | 30,04 | 7,79 | 6,75 |
| NC292 | Zm00001d017241 | genebuilder | 17,09 | 4,33 | 5,50 |
| PHT10 | Zm00001d017241 | genebuilder | 36,12 | 10,54 | 2,99 |
| PHW52 | Zm00001d017241 | genebuilder | 12,00 | 15,21 | 3,94 |
| PA8637 | Zm00001d017241 | genebuilder | 8,99 | 15,36 | 5,14 |
| PHW79 | Zm00001d017241 | genebuilder | 18,44 | 6,82 | 12,30 |
| NC292 | Zm00001d017545 | Uncharacterized protein | 120,89 | 93,49 | 34,26 |
| PHBB3 | Zm00001d017545 | Uncharacterized protein | 50,45 | 5,73 | 7,78 |
| PHT10 | Zm00001d017545 | Uncharacterized protein | 35,87 | 45,66 | 13,44 |
| PHHB9 | Zm00001d017545 | Uncharacterized protein | 27,12 | 54,50 | 106,26 |
| PHW79 | Zm00001d017545 | Uncharacterized protein | 8,82 | 8,74 | 9,04 |
| NC292 | Zm00001d017852 | Putative uncharacterized protein | 18,12 | 7,47 | 4,29 |
| PHT10 | Zm00001d017852 | Putative uncharacterized protein | 119,39 | 17,62 | 4,81 |
| PHHB9 | Zm00001d017852 | Putative uncharacterized protein | 180,67 | 37,77 | 16,34 |
| PA8637 | Zm00001d017852 | Putative uncharacterized protein | 24,73 | 15,50 | 3,81 |
| PHW79 | Zm00001d017852 | Putative uncharacterized protein | 71,48 | 9,20 | 12,22 |
| NC292 | Zm00001d017977 | Uncharacterized protein | 9,41 | 5,17 | 4,74 |
| PHW52 | Zm00001d017977 | Uncharacterized protein | 6,02 | 6,01 | 2,10 |
| PHHB9 | Zm00001d017977 | Uncharacterized protein | 8,94 | 5,06 | 2,67 |
| PA8637 | Zm00001d017977 | Uncharacterized protein | 10,84 | 8,67 | 2,87 |
| PHW79 | Zm00001d017977 | Uncharacterized protein | 11,70 | 3,18 | 4,32 |
| NC292 | Zm00001d017984 | Uncharacterized protein | 5,71 | 2,01 | 2,32 |
| PHBB3 | Zm00001d017984 | Uncharacterized protein | 8,17 | 3,25 | 2,20 |
| PHW52 | Zm00001d017984 | Uncharacterized protein | 17,67 | 23,97 | 3,11 |
| PHHB9 | Zm00001d017984 | Uncharacterized protein | 32,59 | 8,07 | 4,07 |
| PHW79 | Zm00001d017984 | Uncharacterized protein | 43,02 | 5,84 | 5,44 |
| PHT10 | Zm00001d018799 | Uncharacterized protein | 9,56 | 4,98 | 2,66 |
| PHW52 | Zm00001d018799 | Uncharacterized protein | 4,69 | 4,27 | 2,20 |
| PHHB9 | Zm00001d018799 | Uncharacterized protein | 12,75 | 6,93 | 4,60 |
| PA8637 | Zm00001d018799 | Uncharacterized protein | 4,14 | 3,24 | 2,80 |
| PHW79 | Zm00001d018799 | Uncharacterized protein | 6,52 | 3,12 | 3,57 |
| NC292 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 10,76 | 7,55 | 6,35 |
| PHBB3 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 9,72 | 5,02 | 2,86 |
| PHT10 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 18,62 | 8,01 | 3,14 |
| PHW52 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 15,64 | 10,52 | 4,83 |
| PHHB9 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 15,30 | 11,42 | 6,93 |
| PA8637 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 18,18 | 18,66 | 6,15 |
| PHW79 | Zm00001d019306 | Uncharacterized protein | 20,74 | 7,54 | 5,28 |
| NC292 | Zm00001d021168 | Uncharacterized protein | 156,92 | 24,61 | 106,69 |
| PHBB3 | Zm00001d021168 | Uncharacterized protein | 317,82 | 46,17 | 21,33 |
| PHT10 | Zm00001d021168 | Uncharacterized protein | 1329,41 | 188,71 | 15,90 |
| PHHB9 | Zm00001d021168 | Uncharacterized protein | 114,15 | 47,53 | 95,18 |
| PA8637 | Zm00001d021168 | Uncharacterized protein | 29,63 | 41,34 | 22,37 |
| PHW79 | Zm00001d021168 | Uncharacterized protein | 75,27 | 10,99 | 13,59 |
| NC292 | Zm00001d021753 | genebuilder | 44,29 | 47,56 | 6,78 |
| PHBB3 | Zm00001d021753 | genebuilder | 47,17 | 31,54 | 8,52 |
| PHT10 | Zm00001d021753 | genebuilder | 508,59 | 138,40 | 75,18 |
| PHW52 | Zm00001d021753 | genebuilder | 62,42 | 24,89 | 6,99 |
| PHHB9 | Zm00001d021753 | genebuilder | 84,51 | 17,12 | 8,53 |
| PA8637 | Zm00001d021753 | genebuilder | 9,07 | 5,38 | 5,85 |
| NC292 | Zm00001d021934 | genebuilder | 74,84 | 6,03 | 5,53 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|--------|-------|
| PHBB3 | Zm00001d021934 | genebuilder | 204,40 | 38,69 | 16,63 |
| PHT10 | Zm00001d021934 | genebuilder | 29,43 | 32,32 | 5,11 |
| PHHB9 | Zm00001d021934 | genebuilder | 28,79 | 23,79 | 15,24 |
| PA8637 | Zm00001d021934 | genebuilder | 40,15 | 51,94 | 24,99 |
| PHW79 | Zm00001d021934 | genebuilder | 19,82 | 4,90 | 10,46 |
| NC292 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 19,36 | 14,02 | 11,43 |
| PHBB3 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 12,44 | 9,26 | 3,21 |
| PHT10 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 31,95 | 20,50 | 4,08 |
| PHW52 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 22,13 | 17,85 | 7,44 |
| PHHB9 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 124,32 | 47,00 | 27,43 |
| PA8637 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 27,42 | 26,51 | 9,99 |
| PHW79 | Zm00001d021936 | Uncharacterized protein | 33,12 | 20,02 | 19,07 |
| PHBB3 | Zm00001d021949 | Uncharacterized protein | 52,72 | 16,74 | 4,57 |
| PHW52 | Zm00001d021949 | Uncharacterized protein | 78,68 | 83,37 | 10,75 |
| PHHB9 | Zm00001d021949 | Uncharacterized protein | 224,33 | 36,36 | 17,80 |
| PA8637 | Zm00001d021949 | Uncharacterized protein | 16,71 | 13,85 | 2,51 |
| PHW79 | Zm00001d021949 | Uncharacterized protein | 39,23 | 17,55 | 11,66 |
| NC292 | Zm00001d023617 | Uncharacterized protein | 160,92 | 117,95 | 22,85 |
| PHBB3 | Zm00001d023617 | Uncharacterized protein | 685,93 | 63,11 | 4,26 |
| PHT10 | Zm00001d023617 | Uncharacterized protein | 2672,84 | 28,90 | 3,52 |
| PHHB9 | Zm00001d023617 | Uncharacterized protein | 2295,72 | 92,14 | 63,34 |
| PHW79 | Zm00001d023617 | Uncharacterized protein | 683,06 | 99,04 | 39,99 |
| NC292 | Zm00001d023664 | ABA-responsive protein | 9,21 | 3,39 | 3,42 |
| PHT10 | Zm00001d023664 | ABA-responsive protein | 70,71 | 14,54 | 3,95 |
| PHHB9 | Zm00001d023664 | ABA-responsive protein | 15,30 | 5,38 | 7,36 |
| PA8637 | Zm00001d023664 | ABA-responsive protein | 6,10 | 5,59 | 5,84 |
| PHW79 | Zm00001d023664 | ABA-responsive protein | 24,60 | 3,18 | 5,01 |
| NC292 | Zm00001d023941 | Carbohydrate transporter/ sugar porter | 13,48 | 19,57 | 6,32 |
| PHBB3 | Zm00001d023941 | Carbohydrate transporter/ sugar porter | 32,26 | 9,30 | 2,61 |
| PHT10 | Zm00001d023941 | Carbohydrate transporter/ sugar porter | 38,76 | 14,85 | 5,67 |
| PHHB9 | Zm00001d023941 | Carbohydrate transporter/ sugar porter | 35,24 | 13,24 | 14,31 |
| PHW79 | Zm00001d023941 | Carbohydrate transporter/ sugar porter | 23,32 | 13,07 | 4,37 |
| NC292 | Zm00001d025281 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 28,75 | 14,38 | 4,33 |
| PHBB3 | Zm00001d025281 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 269,51 | 96,83 | 26,07 |
| PHT10 | Zm00001d025281 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 324,75 | 38,12 | 8,61 |
| PHW52 | Zm00001d025281 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 761,93 | 514,68 | 49,37 |
| PHHB9 | Zm00001d025281 | Putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein | 1277,08 | 176,32 | 72,05 |
| NC292 | Zm00001d026703 | Uncharacterized protein | 6,97 | 4,41 | 3,42 |
| PHW52 | Zm00001d026703 | Uncharacterized protein | 8,99 | 3,95 | 2,73 |
| PHHB9 | Zm00001d026703 | Uncharacterized protein | 13,32 | 6,18 | 4,28 |
| PA8637 | Zm00001d026703 | Uncharacterized protein | 7,17 | 4,51 | 2,46 |
| PHW79 | Zm00001d026703 | Uncharacterized protein | 6,80 | 3,80 | 2,84 |
| NC292 | Zm00001d027557 | Uncharacterized protein | 111,19 | 10,17 | 11,94 |
| PHBB3 | Zm00001d027557 | Uncharacterized protein | 16,67 | 4,23 | 3,62 |
| PHT10 | Zm00001d027557 | Uncharacterized protein | 29,80 | 16,22 | 4,05 |
| PHW52 | Zm00001d027557 | Uncharacterized protein | 6,68 | 14,12 | 36,95 |
| PHHB9 | Zm00001d027557 | Uncharacterized protein | 13,14 | 12,88 | 14,00 |
| NC292 | Zm00001d027622 | genebuilder | 19,24 | 7,24 | 3,00 |
| PHT10 | Zm00001d027622 | genebuilder | 90,25 | 17,01 | 8,86 |
| PHW52 | Zm00001d027622 | genebuilder | 39,52 | 18,28 | 5,20 |
| PHHB9 | Zm00001d027622 | genebuilder | 114,92 | 16,56 | 9,06 |
| PHW79 | Zm00001d027622 | genebuilder | 36,40 | 17,27 | 4,24 |
| NC292 | Zm00001d027861 | genebuilder | 6,12 | 3,45 | 3,85 |
| PHT10 | Zm00001d027861 | genebuilder | 19,14 | 17,37 | 4,47 |
| PHW52 | Zm00001d027861 | genebuilder | 6,81 | 5,80 | 4,20 |
| PHHB9 | Zm00001d027861 | genebuilder | 7,90 | 8,18 | 6,87 |
| PA8637 | Zm00001d027861 | genebuilder | 7,29 | 15,17 | 6,34 |
| NC292 | Zm00001d028004 | | 5,13 | 4,32 | 2,90 |
| PHW52 | Zm00001d028004 | | 28,45 | 43,81 | 5,07 |
| PHHB9 | Zm00001d028004 | | 47,45 | 17,32 | 3,32 |
| PA8637 | Zm00001d028004 | | 36,51 | 36,01 | 5,45 |
| PHW79 | Zm00001d028004 | | 34,30 | 23,45 | 16,42 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|--------|-------|
| NC292 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 5,24 | 6,94 | 2,89 |
| PHBB3 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 8,82 | 7,73 | 2,78 |
| PHHB9 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 39,91 | 10,77 | 4,86 |
| PA8637 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 10,00 | 7,08 | 2,43 |
| PHW79 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 22,08 | 10,64 | 6,45 |
| NC292 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 180,03 | 91,84 | 85,95 |
| PHT10 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 2038,04 | 252,25 | 7,97 |
| PHW52 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 248,16 | 460,34 | 91,53 |
| PHHB9 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 286,16 | 115,40 | 80,81 |
| PA8637 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 364,53 | 676,44 | 84,45 |
| NC292 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 9,09 | 4,45 | 3,82 |
| PHW52 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 7,49 | 7,57 | 4,73 |
| PHHB9 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 5,60 | 4,35 | 3,64 |
| PA8637 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 10,06 | 13,90 | 5,16 |
| PHW79 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 17,80 | 5,58 | 12,50 |
| NC292 | Zm00001d028999 | genebuilder | 6,43 | 4,06 | 4,78 |
| PHBB3 | Zm00001d028999 | genebuilder | 33,92 | 7,19 | 3,83 |
| PHW52 | Zm00001d028999 | genebuilder | 10,55 | 11,20 | 5,19 |
| PHHB9 | Zm00001d028999 | genebuilder | 9,77 | 5,34 | 3,86 |
| PA8637 | Zm00001d028999 | genebuilder | 11,37 | 25,15 | 5,78 |
| NC292 | Zm00001d029246 | genebuilder | 14,53 | 5,28 | 5,03 |
| PHW52 | Zm00001d029246 | genebuilder | 5,62 | 10,93 | 2,24 |
| PHHB9 | Zm00001d029246 | genebuilder | 8,41 | 5,36 | 3,33 |
| PA8637 | Zm00001d029246 | genebuilder | 5,87 | 11,04 | 2,77 |
| PHW79 | Zm00001d029246 | genebuilder | 13,05 | 7,27 | 7,98 |
| NC292 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 18,42 | 11,56 | 5,54 |
| PHT10 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 56,05 | 11,04 | 4,68 |
| PHW52 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 49,85 | 28,67 | 6,60 |
| PHHB9 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 85,04 | 15,36 | 8,88 |
| PHW79 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 12,88 | 4,16 | 3,39 |
| PHBB3 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 35,02 | 7,36 | 3,86 |
| PHW52 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 5,12 | 9,09 | 3,43 |
| PHHB9 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 7,41 | 4,56 | 4,46 |
| PA8637 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 17,00 | 17,54 | 9,22 |
| PHW79 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 30,08 | 5,87 | 7,46 |
| NC292 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 16,13 | 3,89 | 2,66 |
| PHT10 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 30,35 | 10,35 | 3,58 |
| PHW52 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 46,27 | 47,54 | 30,54 |
| PHHB9 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 124,72 | 68,16 | 26,58 |
| PHW79 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 247,43 | 32,97 | 35,76 |
| NC292 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 4,11 | 2,01 | 2,86 |
| PHBB3 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 23,72 | 5,07 | 3,20 |
| PHW52 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 8,88 | 9,97 | 3,57 |
| PHHB9 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 9,45 | 3,87 | 2,58 |
| PA8637 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 11,21 | 10,83 | 2,18 |
| NC292 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 11,56 | 6,44 | 5,25 |
| PHW52 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 15,18 | 8,47 | 3,05 |
| PHHB9 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 20,01 | 6,87 | 4,43 |
| PA8637 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 15,94 | 10,31 | 3,44 |
| PHW79 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 10,85 | 3,03 | 2,98 |
| NC292 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 9,11 | 9,09 | 3,99 |
| PHBB3 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 48,47 | 9,68 | 2,89 |
| PHHB9 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 72,73 | 17,72 | 6,33 |
| PA8637 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 23,86 | 27,77 | 2,89 |
| PHW79 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 22,22 | 11,24 | 6,62 |
| NC292 | Zm00001d032870 | genebuilder | 4,79 | 7,49 | 2,65 |
| PHBB3 | Zm00001d032870 | genebuilder | 4,62 | 3,10 | 2,04 |
| PHW52 | Zm00001d032870 | genebuilder | 9,06 | 7,71 | 2,79 |
| PHHB9 | Zm00001d032870 | genebuilder | 15,74 | 3,49 | 4,75 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|--------|-------|
| NC292 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 5,24 | 6,94 | 2,89 |
| PHBB3 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 8,82 | 7,73 | 2,78 |
| PHHB9 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 39,91 | 10,77 | 4,86 |
| PA8637 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 10,00 | 7,08 | 2,43 |
| PHW79 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 22,08 | 10,64 | 6,45 |
| NC292 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 180,03 | 91,84 | 85,95 |
| PHT10 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 2038,04 | 252,25 | 7,97 |
| PHW52 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 248,16 | 460,34 | 91,53 |
| PHHB9 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 286,16 | 115,40 | 80,81 |
| PA8637 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 364,53 | 676,44 | 84,45 |
| NC292 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 9,09 | 4,45 | 3,82 |
| PHW52 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 7,49 | 7,57 | 4,73 |
| PHHB9 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 5,60 | 4,35 | 3,64 |
| PA8637 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 10,06 | 13,90 | 5,16 |
| PHW79 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 17,80 | 5,58 | 12,50 |
| NC292 | Zm00001d028999 | genebuilder | 6,43 | 4,06 | 4,78 |
| PHBB3 | Zm00001d028999 | genebuilder | 33,92 | 7,19 | 3,83 |
| PHW52 | Zm00001d028999 | genebuilder | 10,55 | 11,20 | 5,19 |
| PHHB9 | Zm00001d028999 | genebuilder | 9,77 | 5,34 | 3,86 |
| PA8637 | Zm00001d028999 | genebuilder | 11,37 | 25,15 | 5,78 |
| NC292 | Zm00001d029246 | genebuilder | 14,53 | 5,28 | 5,03 |
| PHW52 | Zm00001d029246 | genebuilder | 5,62 | 10,93 | 2,24 |
| PHHB9 | Zm00001d029246 | genebuilder | 8,41 | 5,36 | 3,33 |
| PA8637 | Zm00001d029246 | genebuilder | 5,87 | 11,04 | 2,77 |
| PHW79 | Zm00001d029246 | genebuilder | 13,05 | 7,27 | 7,98 |
| NC292 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 18,42 | 11,56 | 5,54 |
| PHT10 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 56,05 | 11,04 | 4,68 |
| PHW52 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 49,85 | 28,67 | 6,60 |
| PHHB9 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 85,04 | 15,36 | 8,88 |
| PHW79 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 12,88 | 4,16 | 3,39 |
| PHBB3 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 35,02 | 7,36 | 3,86 |
| PHW52 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 5,12 | 9,09 | 3,43 |
| PHHB9 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 7,41 | 4,56 | 4,46 |
| PA8637 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 17,00 | 17,54 | 9,22 |
| PHW79 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 30,08 | 5,87 | 7,46 |
| NC292 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 16,13 | 3,89 | 2,66 |
| PHT10 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 30,35 | 10,35 | 3,58 |
| PHW52 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 46,27 | 47,54 | 30,54 |
| PHHB9 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 124,72 | 68,16 | 26,58 |
| PHW79 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 247,43 | 32,97 | 35,76 |
| NC292 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 4,11 | 2,01 | 2,86 |
| PHBB3 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 23,72 | 5,07 | 3,20 |
| PHW52 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 8,88 | 9,97 | 3,57 |
| PHHB9 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 9,45 | 3,87 | 2,58 |
| PA8637 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 11,21 | 10,83 | 2,18 |
| NC292 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 11,56 | 6,44 | 5,25 |
| PHW52 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 15,18 | 8,47 | 3,05 |
| PHHB9 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 20,01 | 6,87 | 4,43 |
| PA8637 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 15,94 | 10,31 | 3,44 |
| PHW79 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 10,85 | 3,03 | 2,98 |
| NC292 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 9,11 | 9,09 | 3,99 |
| PHBB3 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 48,47 | 9,68 | 2,89 |
| PHHB9 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 72,73 | 17,72 | 6,33 |
| PA8637 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 23,86 | 27,77 | 2,89 |
| PHW79 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 22,22 | 11,24 | 6,62 |
| NC292 | Zm00001d032870 | genebuilder | 4,79 | 7,49 | 2,65 |
| PHBB3 | Zm00001d032870 | genebuilder | 4,62 | 3,10 | 2,04 |
| PHW52 | Zm00001d032870 | genebuilder | 9,06 | 7,71 | 2,79 |
| PHHB9 | Zm00001d032870 | genebuilder | 15,74 | 3,49 | 4,75 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|--------|-------|
| NC292 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 5,24 | 6,94 | 2,89 |
| PHBB3 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 8,82 | 7,73 | 2,78 |
| PHHB9 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 39,91 | 10,77 | 4,86 |
| PA8637 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 10,00 | 7,08 | 2,43 |
| PHW79 | Zm00001d028572 | Uncharacterized protein | 22,08 | 10,64 | 6,45 |
| NC292 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 180,03 | 91,84 | 85,95 |
| PHT10 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 2038,04 | 252,25 | 7,97 |
| PHW52 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 248,16 | 460,34 | 91,53 |
| PHHB9 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 286,16 | 115,40 | 80,81 |
| PA8637 | Zm00001d028718 | Putative uncharacterized protein | 364,53 | 676,44 | 84,45 |
| NC292 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 9,09 | 4,45 | 3,82 |
| PHW52 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 7,49 | 7,57 | 4,73 |
| PHHB9 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 5,60 | 4,35 | 3,64 |
| PA8637 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 10,06 | 13,90 | 5,16 |
| PHW79 | Zm00001d028962 | WRKY55-superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains | 17,80 | 5,58 | 12,50 |
| NC292 | Zm00001d028999 | genebuilder | 6,43 | 4,06 | 4,78 |
| PHBB3 | Zm00001d028999 | genebuilder | 33,92 | 7,19 | 3,83 |
| PHW52 | Zm00001d028999 | genebuilder | 10,55 | 11,20 | 5,19 |
| PHHB9 | Zm00001d028999 | genebuilder | 9,77 | 5,34 | 3,86 |
| PA8637 | Zm00001d028999 | genebuilder | 11,37 | 25,15 | 5,78 |
| NC292 | Zm00001d029246 | genebuilder | 14,53 | 5,28 | 5,03 |
| PHW52 | Zm00001d029246 | genebuilder | 5,62 | 10,93 | 2,24 |
| PHHB9 | Zm00001d029246 | genebuilder | 8,41 | 5,36 | 3,33 |
| PA8637 | Zm00001d029246 | genebuilder | 5,87 | 11,04 | 2,77 |
| PHW79 | Zm00001d029246 | genebuilder | 13,05 | 7,27 | 7,98 |
| NC292 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 18,42 | 11,56 | 5,54 |
| PHT10 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 56,05 | 11,04 | 4,68 |
| PHW52 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 49,85 | 28,67 | 6,60 |
| PHHB9 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 85,04 | 15,36 | 8,88 |
| PHW79 | Zm00001d029662 | Catalytic/ hydrolase | 12,88 | 4,16 | 3,39 |
| PHBB3 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 35,02 | 7,36 | 3,86 |
| PHW52 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 5,12 | 9,09 | 3,43 |
| PHHB9 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 7,41 | 4,56 | 4,46 |
| PA8637 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 17,00 | 17,54 | 9,22 |
| PHW79 | Zm00001d029688 | Uncharacterized protein | 30,08 | 5,87 | 7,46 |
| NC292 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 16,13 | 3,89 | 2,66 |
| PHT10 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 30,35 | 10,35 | 3,58 |
| PHW52 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 46,27 | 47,54 | 30,54 |
| PHHB9 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 124,72 | 68,16 | 26,58 |
| PHW79 | Zm00001d029699 | Glutathione S-transferase GSTU6 | 247,43 | 32,97 | 35,76 |
| NC292 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 4,11 | 2,01 | 2,86 |
| PHBB3 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 23,72 | 5,07 | 3,20 |
| PHW52 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 8,88 | 9,97 | 3,57 |
| PHHB9 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 9,45 | 3,87 | 2,58 |
| PA8637 | Zm00001d032719 | Uncharacterized protein | 11,21 | 10,83 | 2,18 |
| NC292 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 11,56 | 6,44 | 5,25 |
| PHW52 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 15,18 | 8,47 | 3,05 |
| PHHB9 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 20,01 | 6,87 | 4,43 |
| PA8637 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 15,94 | 10,31 | 3,44 |
| PHW79 | Zm00001d032781 | Uncharacterized protein | 10,85 | 3,03 | 2,98 |
| NC292 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 9,11 | 9,09 | 3,99 |
| PHBB3 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 48,47 | 9,68 | 2,89 |
| PHHB9 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 72,73 | 17,72 | 6,33 |
| PA8637 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 23,86 | 27,77 | 2,89 |
| PHW79 | Zm00001d032810 | RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1 | 22,22 | 11,24 | 6,62 |
| NC292 | Zm00001d032870 | genebuilder | 4,79 | 7,49 | 2,65 |
| PHBB3 | Zm00001d032870 | genebuilder | 4,62 | 3,10 | 2,04 |
| PHW52 | Zm00001d032870 | genebuilder | 9,06 | 7,71 | 2,79 |
| PHHB9 | Zm00001d032870 | genebuilder | 15,74 | 3,49 | 4,75 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|----------|----------|----------|
| PHW79 | Zm00001d032870 | genebuilder | 20,59 | 12,33 | 6,39 |
| NC292 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 14,41 | 6,15 | 3,21 |
| PHBB3 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 17,01 | 4,40 | 2,12 |
| PHT10 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 81,96 | 12,75 | 4,84 |
| PHW52 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 17,38 | 16,99 | 4,43 |
| PHHB9 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 42,44 | 13,87 | 7,44 |
| PHW79 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 33,98 | 6,34 | 7,87 |
| PHBB3 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 64,65 | 27,25 | 10,44 |
| PHT10 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 37,62 | 37,15 | 7,09 |
| PHHB9 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 62,03 | 50,70 | 55,23 |
| PA8637 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 23,90 | 40,71 | 20,27 |
| PHW79 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 11,60 | 9,14 | 9,98 |
| NC292 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 13,60 | 11,92 | 8,71 |
| PHT10 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 10,51 | 10,62 | 3,80 |
| PHW52 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 17,65 | 10,18 | 5,18 |
| PHHB9 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 12,75 | 10,49 | 5,87 |
| PA8637 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 62,39 | 37,35 | 7,24 |
| NC292 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 13,50 | 10,44 | 9,38 |
| PHW52 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 12,31 | 11,35 | 4,23 |
| PHHB9 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 17,75 | 10,30 | 6,94 |
| PA8637 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 15,21 | 12,58 | 5,94 |
| PHW79 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 19,65 | 5,32 | 5,61 |
| NC292 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 8,29 | 3,78 | 2,80 |
| PHBB3 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 7,63 | 4,28 | 2,16 |
| PHW52 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 14,21 | 10,11 | 4,13 |
| PHHB9 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 19,31 | 11,21 | 7,07 |
| PA8637 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 14,38 | 12,90 | 4,53 |
| PHW79 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 5,63 | 3,90 | 2,99 |
| NC292 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 11,86 | 6,42 | 2,76 |
| PHT10 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 111,31 | 14,34 | 5,63 |
| PHW52 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 12,49 | 15,25 | 5,05 |
| PHHB9 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 75,74 | 23,37 | 15,60 |
| PA8637 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 18,74 | 9,72 | 6,58 |
| PHW79 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 31,78 | 3,91 | 4,19 |
| NC292 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 7,23 | 2,77 | 3,59 |
| PHBB3 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 14,28 | 3,60 | 3,17 |
| PHW52 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 20,85 | 17,91 | 8,87 |
| PHHB9 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 19,13 | 16,88 | 9,19 |
| PA8637 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 10,16 | 12,65 | 9,57 |
| PHW79 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 6,96 | 6,80 | 8,30 |
| NC292 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 7,59 | 10,81 | 2,72 |
| PHBB3 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 22,57 | 20,29 | 5,25 |
| PHT10 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 98,41 | 13,65 | 7,29 |
| PHHB9 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 58,47 | 26,89 | 14,66 |
| PA8637 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 11,31 | 26,41 | 7,60 |
| PHW79 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 8,08 | 4,56 | 11,20 |
| NC292 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 14,07 | 8,12 | 7,07 |
| PHBB3 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 33,72 | 21,60 | 12,95 |
| PHT10 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 16,26 | 19,45 | 5,83 |
| PHHB9 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 21,76 | 9,92 | 14,24 |
| PHW79 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 6,22 | 14,48 | 12,14 |
| PHBB3 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 35,31 | 8,78 | 4,80 |
| PHW52 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 31,08 | 17,96 | 7,06 |
| PHHB9 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 47,76 | 12,31 | 11,48 |
| PA8637 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 11,34 | 4,68 | 4,37 |
| PHW79 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 23,13 | 5,38 | 5,99 |
| NC292 | Zm00001d039098 | | 39,33 | 19,46 | 11,35 |
| PHW52 | Zm00001d039098 | | 697,54 | 532,30 | 78,88 |
| PHHB9 | Zm00001d039098 | | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d039098 | | 283,65 | 242,32 | 28,53 |
| PHW79 | Zm00001d039098 | | 495,84 | 59,42 | 18,51 |
| NC292 | Zm00001d039416 | genebuilder | 4,41 | 2,74 | 3,67 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|----------|----------|----------|
| PHW79 | Zm00001d032870 | genebuilder | 20,59 | 12,33 | 6,39 |
| NC292 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 14,41 | 6,15 | 3,21 |
| PHBB3 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 17,01 | 4,40 | 2,12 |
| PHT10 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 81,96 | 12,75 | 4,84 |
| PHW52 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 17,38 | 16,99 | 4,43 |
| PHHB9 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 42,44 | 13,87 | 7,44 |
| PHW79 | Zm00001d033503 | Uncharacterized protein | 33,98 | 6,34 | 7,87 |
| PHBB3 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 64,65 | 27,25 | 10,44 |
| PHT10 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 37,62 | 37,15 | 7,09 |
| PHHB9 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 62,03 | 50,70 | 55,23 |
| PA8637 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 23,90 | 40,71 | 20,27 |
| PHW79 | Zm00001d034068 | Uncharacterized protein | 11,60 | 9,14 | 9,98 |
| NC292 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 13,60 | 11,92 | 8,71 |
| PHT10 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 10,51 | 10,62 | 3,80 |
| PHW52 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 17,65 | 10,18 | 5,18 |
| PHHB9 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 12,75 | 10,49 | 5,87 |
| PA8637 | Zm00001d034521 | Brain protein 44-like protein | 62,39 | 37,35 | 7,24 |
| NC292 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 13,50 | 10,44 | 9,38 |
| PHW52 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 12,31 | 11,35 | 4,23 |
| PHHB9 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 17,75 | 10,30 | 6,94 |
| PA8637 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 15,21 | 12,58 | 5,94 |
| PHW79 | Zm00001d035445 | Putative gamma-glutamylcysteine synthetase | 19,65 | 5,32 | 5,61 |
| NC292 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 8,29 | 3,78 | 2,80 |
| PHBB3 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 7,63 | 4,28 | 2,16 |
| PHW52 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 14,21 | 10,11 | 4,13 |
| PHHB9 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 19,31 | 11,21 | 7,07 |
| PA8637 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 14,38 | 12,90 | 4,53 |
| PHW79 | Zm00001d035475 | Uncharacterized protein | 5,63 | 3,90 | 2,99 |
| NC292 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 11,86 | 6,42 | 2,76 |
| PHT10 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 111,31 | 14,34 | 5,63 |
| PHW52 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 12,49 | 15,25 | 5,05 |
| PHHB9 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 75,74 | 23,37 | 15,60 |
| PA8637 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 18,74 | 9,72 | 6,58 |
| PHW79 | Zm00001d036402 | Uncharacterized protein | 31,78 | 3,91 | 4,19 |
| NC292 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 7,23 | 2,77 | 3,59 |
| PHBB3 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 14,28 | 3,60 | 3,17 |
| PHW52 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 20,85 | 17,91 | 8,87 |
| PHHB9 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 19,13 | 16,88 | 9,19 |
| PA8637 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 10,16 | 12,65 | 9,57 |
| PHW79 | Zm00001d037242 | Uncharacterized protein | 6,96 | 6,80 | 8,30 |
| NC292 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 7,59 | 10,81 | 2,72 |
| PHBB3 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 22,57 | 20,29 | 5,25 |
| PHT10 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 98,41 | 13,65 | 7,29 |
| PHHB9 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 58,47 | 26,89 | 14,66 |
| PA8637 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 11,31 | 26,41 | 7,60 |
| PHW79 | Zm00001d037973 | Serine/threonine-protein kinase | 8,08 | 4,56 | 11,20 |
| NC292 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 14,07 | 8,12 | 7,07 |
| PHBB3 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 33,72 | 21,60 | 12,95 |
| PHT10 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 16,26 | 19,45 | 5,83 |
| PHHB9 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 21,76 | 9,92 | 14,24 |
| PHW79 | Zm00001d038453 | Putative aminotransferase class III superfamily protein | 6,22 | 14,48 | 12,14 |
| PHBB3 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 35,31 | 8,78 | 4,80 |
| PHW52 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 31,08 | 17,96 | 7,06 |
| PHHB9 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 47,76 | 12,31 | 11,48 |
| PA8637 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 11,34 | 4,68 | 4,37 |
| PHW79 | Zm00001d039052 | Uncharacterized protein | 23,13 | 5,38 | 5,99 |
| NC292 | Zm00001d039098 | | 39,33 | 19,46 | 11,35 |
| PHW52 | Zm00001d039098 | | 697,54 | 532,30 | 78,88 |
| PHHB9 | Zm00001d039098 | | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d039098 | | 283,65 | 242,32 | 28,53 |
| PHW79 | Zm00001d039098 | | 495,84 | 59,42 | 18,51 |
| NC292 | Zm00001d039416 | genebuilder | 4,41 | 2,74 | 3,67 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|---|----------|----------|----------|
| PHW52 | Zm00001d039416 | genebuilder | 5,54 | 5,42 | 3,01 |
| PHHB9 | Zm00001d039416 | genebuilder | 8,19 | 5,30 | 4,10 |
| PA8637 | Zm00001d039416 | genebuilder | 3,29 | 4,10 | 3,00 |
| PHW79 | Zm00001d039416 | genebuilder | 4,28 | 2,82 | 3,52 |
| PHBB3 | Zm00001d039567 | genebuilder | 15,30 | 9,50 | 4,15 |
| PHT10 | Zm00001d039567 | genebuilder | 63,88 | 25,74 | 11,33 |
| PHHB9 | Zm00001d039567 | genebuilder | 72,76 | 16,38 | 5,73 |
| PA8637 | Zm00001d039567 | genebuilder | 14,43 | 9,99 | 3,66 |
| PHW79 | Zm00001d039567 | genebuilder | 36,70 | 20,53 | 7,30 |
| PHT10 | Zm00001d039642 | genebuilder | 93,62 | 82,62 | 7,15 |
| PHW52 | Zm00001d039642 | genebuilder | 90,88 | 55,23 | 26,59 |
| PHHB9 | Zm00001d039642 | genebuilder | 116,78 | 35,55 | 34,86 |
| PA8637 | Zm00001d039642 | genebuilder | 44,32 | 14,84 | 12,14 |
| PHW79 | Zm00001d039642 | genebuilder | 11,63 | 3,43 | 5,71 |
| NC292 | Zm00001d040670 | Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex | 8,36 | 4,69 | 3,91 |
| PHBB3 | Zm00001d040670 | Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex | 11,56 | 7,16 | 2,13 |
| PHT10 | Zm00001d040670 | Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex | 22,82 | 6,46 | 2,66 |
| PA8637 | Zm00001d040670 | Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex | 14,59 | 11,84 | 4,56 |
| PHW79 | Zm00001d040670 | Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex | 15,82 | 5,16 | 3,47 |
| NC292 | Zm00001d041580 | R2R3MYB-domain protein | 103,84 | 23,68 | 12,01 |
| PHBB3 | Zm00001d041580 | R2R3MYB-domain protein | 39,72 | 10,28 | 2,18 |
| PHT10 | Zm00001d041580 | R2R3MYB-domain protein | 561,63 | 100,07 | 16,47 |
| PHHB9 | Zm00001d041580 | R2R3MYB-domain protein | 2095,40 | 424,71 | 205,90 |
| PHW79 | Zm00001d041580 | R2R3MYB-domain protein | 151,29 | 32,51 | 22,41 |
| NC292 | Zm00001d042263 | Inducer of CBF expression 2 | 5,50 | 2,37 | 2,18 |
| PHW52 | Zm00001d042263 | Inducer of CBF expression 2 | 9,80 | 10,52 | 3,98 |
| PHHB9 | Zm00001d042263 | Inducer of CBF expression 2 | 9,65 | 5,70 | 4,37 |
| PA8637 | Zm00001d042263 | Inducer of CBF expression 2 | 5,63 | 6,76 | 3,39 |
| PHW79 | Zm00001d042263 | Inducer of CBF expression 2 | 4,80 | 2,89 | 2,78 |
| PHT10 | Zm00001d042276 | Uncharacterized protein | 17,52 | 6,08 | 3,18 |
| PHW52 | Zm00001d042276 | Uncharacterized protein | 8,42 | 14,19 | 4,88 |
| PHHB9 | Zm00001d042276 | Uncharacterized protein | 36,51 | 7,98 | 6,25 |
| PA8637 | Zm00001d042276 | Uncharacterized protein | 10,09 | 3,85 | 2,72 |
| PHW79 | Zm00001d042276 | Uncharacterized protein | 19,79 | 13,65 | 9,94 |
| PHBB3 | Zm00001d043512 | genebuilder | 13,65 | 10,27 | 3,52 |
| PHT10 | Zm00001d043512 | genebuilder | 36,02 | 20,53 | 5,56 |
| PHHB9 | Zm00001d043512 | genebuilder | 98,98 | 23,10 | 14,77 |
| PA8637 | Zm00001d043512 | genebuilder | 13,05 | 6,19 | 3,80 |
| PHW79 | Zm00001d043512 | genebuilder | 17,38 | 10,74 | 4,42 |
| NC292 | Zm00001d043515 | IAA6-auxin-responsive Aux/IAA family member | 4,52 | 3,58 | 2,24 |
| PHW52 | Zm00001d043515 | IAA6-auxin-responsive Aux/IAA family member | 12,48 | 8,32 | 3,63 |
| PHHB9 | Zm00001d043515 | IAA6-auxin-responsive Aux/IAA family member | 13,29 | 8,08 | 6,22 |
| PA8637 | Zm00001d043515 | IAA6-auxin-responsive Aux/IAA family member | 8,17 | 8,03 | 2,92 |
| PHW79 | Zm00001d043515 | IAA6-auxin-responsive Aux/IAA family member | 5,20 | 4,26 | 3,80 |
| NC292 | Zm00001d043536 | | 3,40 | 2,74 | 4,08 |
| PHBB3 | Zm00001d043536 | | 21,09 | 2,92 | 2,87 |
| PHW52 | Zm00001d043536 | | 18,11 | 75,04 | 22,10 |
| PHHB9 | Zm00001d043536 | | 23,29 | 31,17 | 6,85 |
| PA8637 | Zm00001d043536 | | 29,97 | 56,15 | 12,80 |
| PHW79 | Zm00001d043536 | | 21,07 | 20,16 | 28,68 |
| NC292 | Zm00001d044389 | Calcineurin B-like protein | 19,32 | 7,49 | 8,43 |
| PHT10 | Zm00001d044389 | Calcineurin B-like protein | 26,03 | 9,43 | 3,41 |
| PHHB9 | Zm00001d044389 | Calcineurin B-like protein | 3,36 | 4,62 | 4,24 |
| PA8637 | Zm00001d044389 | Calcineurin B-like protein | 40,80 | 24,66 | 37,31 |
| PHW79 | Zm00001d044389 | Calcineurin B-like protein | 11,91 | 4,86 | 4,44 |
| PHT10 | Zm00001d044947 | | 138,81 | 31,08 | 11,25 |
| PHW52 | Zm00001d044947 | | 122,83 | 64,27 | 30,56 |
| PHHB9 | Zm00001d044947 | | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d044947 | | 18,40 | 8,30 | 5,48 |
| PHW79 | Zm00001d044947 | | 25,52 | 9,08 | 5,09 |
| NC292 | Zm00001d045042 | Sucrose synthase 1 | 4,85 | 3,73 | 3,28 |
| PHBB3 | Zm00001d045042 | Sucrose synthase 1 | 4,28 | 3,29 | 2,06 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | |
|--------|----------------|--|----------|----------|----------|
| PHW52 | Zm00001d045042 | Sucrose synthase 1 | 3,70 | 4,20 | 2,54 |
| PHHB9 | Zm00001d045042 | Sucrose synthase 1 | 35,32 | 11,75 | 8,94 |
| PA8637 | Zm00001d045042 | Sucrose synthase 1 | 3,81 | 4,34 | 2,28 |
| PHW79 | Zm00001d045042 | Sucrose synthase 1 | 7,64 | 2,60 | 5,30 |
| NC292 | Zm00001d045480 | Uncharacterized protein | 7,89 | 4,56 | 3,02 |
| PHBB3 | Zm00001d045480 | Uncharacterized protein | 7,58 | 5,51 | 2,07 |
| PHW52 | Zm00001d045480 | Uncharacterized protein | 23,98 | 9,46 | 3,54 |
| PHHB9 | Zm00001d045480 | Uncharacterized protein | 43,23 | 7,28 | 4,58 |
| PA8637 | Zm00001d045480 | Uncharacterized protein | 18,35 | 7,00 | 4,35 |
| NC292 | Zm00001d045499 | Uncharacterized protein | 38,24 | 34,19 | 24,49 |
| PHBB3 | Zm00001d045499 | Uncharacterized protein | 113,86 | 14,04 | 18,59 |
| PHHB9 | Zm00001d045499 | Uncharacterized protein | 67,86 | 17,52 | 16,56 |
| PA8637 | Zm00001d045499 | Uncharacterized protein | 74,10 | 69,66 | 8,88 |
| PHW79 | Zm00001d045499 | Uncharacterized protein | 59,02 | 3,95 | 6,15 |
| NC292 | Zm00001d045862 | Uncharacterized protein | 122,29 | 28,97 | 35,45 |
| PHW52 | Zm00001d045862 | Uncharacterized protein | 203,90 | 101,89 | 113,71 |
| PHHB9 | Zm00001d045862 | Uncharacterized protein | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d045862 | Uncharacterized protein | 24,62 | 14,36 | 68,32 |
| PHW79 | Zm00001d045862 | Uncharacterized protein | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| NC292 | Zm00001d046005 | Uncharacterized protein | 4,94 | 2,75 | 3,53 |
| PHW52 | Zm00001d046005 | Uncharacterized protein | 8,19 | 6,44 | 2,75 |
| PHHB9 | Zm00001d046005 | Uncharacterized protein | 15,14 | 6,56 | 5,19 |
| PA8637 | Zm00001d046005 | Uncharacterized protein | 4,90 | 3,75 | 2,63 |
| PHW79 | Zm00001d046005 | Uncharacterized protein | 9,68 | 4,85 | 5,38 |
| NC292 | Zm00001d046277 | Uncharacterized protein | 12,18 | 6,68 | 3,51 |
| PHBB3 | Zm00001d046277 | Uncharacterized protein | 14,18 | 7,95 | 3,38 |
| PHT10 | Zm00001d046277 | Uncharacterized protein | 10,67 | 12,57 | 3,27 |
| PHW52 | Zm00001d046277 | Uncharacterized protein | 7,44 | 8,86 | 5,46 |
| PHHB9 | Zm00001d046277 | Uncharacterized protein | 15,16 | 12,42 | 6,34 |
| NC292 | Zm00001d046422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 4,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PHBB3 | Zm00001d046422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 613,68 | 64,06 | 30,91 |
| PHW52 | Zm00001d046422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 515,00 | 403,13 | 32,93 |
| PHHB9 | Zm00001d046422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 180,02 | 9,02 | 12,90 |
| PA8637 | Zm00001d046422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 72,67 | 109,72 | 11,34 |
| PHW79 | Zm00001d046422 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 591,96 | 23,83 | 23,41 |
| PHBB3 | Zm00001d046805 | Putative WRKY DNA-binding domain superfamily protein | 12,94 | 8,99 | 2,38 |
| PHW52 | Zm00001d046805 | Putative WRKY DNA-binding domain superfamily protein | 157,56 | 102,37 | 16,51 |
| PHHB9 | Zm00001d046805 | Putative WRKY DNA-binding domain superfamily protein | 807,40 | 156,78 | 54,77 |
| PA8637 | Zm00001d046805 | Putative WRKY DNA-binding domain superfamily protein | 42,12 | 16,19 | 5,24 |
| PHW79 | Zm00001d046805 | Putative WRKY DNA-binding domain superfamily protein | 229,82 | 50,60 | 30,81 |
| NC292 | Zm00001d048111 | Uncharacterized protein | 144,49 | 41,31 | 32,97 |
| PHBB3 | Zm00001d048111 | Uncharacterized protein | 15,60 | 4,80 | 2,05 |
| PHT10 | Zm00001d048111 | Uncharacterized protein | 100,37 | 33,90 | 5,63 |
| PHHB9 | Zm00001d048111 | Uncharacterized protein | 175,89 | 37,14 | 21,56 |
| PA8637 | Zm00001d048111 | Uncharacterized protein | 39,53 | 12,27 | 8,56 |
| PHW79 | Zm00001d048111 | Uncharacterized protein | 39,76 | 10,40 | 8,58 |
| NC292 | Zm00001d048334 | Uncharacterized protein | 5,36 | 2,42 | 2,73 |
| PHW52 | Zm00001d048334 | Uncharacterized protein | 15,69 | 6,78 | 3,28 |
| PHHB9 | Zm00001d048334 | Uncharacterized protein | 19,23 | 4,81 | 4,91 |
| PA8637 | Zm00001d048334 | Uncharacterized protein | 8,05 | 3,14 | 2,65 |
| PHW79 | Zm00001d048334 | Uncharacterized protein | 18,96 | 4,31 | 3,61 |
| NC292 | Zm00001d049096 | Uncharacterized protein | 55,38 | 24,74 | 10,44 |
| PHT10 | Zm00001d049096 | Uncharacterized protein | 501,15 | 35,89 | 9,74 |
| PHHB9 | Zm00001d049096 | Uncharacterized protein | 10000,00 | 10000,00 | 10000,00 |
| PA8637 | Zm00001d049096 | Uncharacterized protein | 59,56 | 19,70 | 5,42 |
| PHW79 | Zm00001d049096 | Uncharacterized protein | 188,63 | 48,61 | 25,89 |
| NC292 | Zm00001d050132 | Putative leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein | 10,90 | 4,48 | 3,01 |
| PHT10 | Zm00001d050132 | Putative leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein | 18,63 | 11,06 | 3,39 |
| PHHB9 | Zm00001d050132 | Putative leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein | 20,40 | 5,81 | 7,24 |

Tabla A-II (Continuación)

| PA8637 | Zm00001d050132 | Putative leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein | 4,96 | 2,43 | 4,55 | | | |
|--------------------------------------|-----------------|--|-------------------|--------|--------|-------|----|----|
| PHW79 | Zm00001d050132 | Putative leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein | 10,34 | 5,09 | 4,11 | | | |
| NC292 | Zm00001d050259 | Uncharacterized protein | 9,63 | 4,98 | 2,54 | | | |
| PHT10 | Zm00001d050259 | Uncharacterized protein | 10,03 | 3,85 | 4,06 | | | |
| PHW52 | Zm00001d050259 | Uncharacterized protein | 4,19 | 3,66 | 2,61 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d050259 | Uncharacterized protein | 20,72 | 6,90 | 4,75 | | | |
| PA8637 | Zm00001d050259 | Uncharacterized protein | 4,64 | 2,81 | 3,33 | | | |
| PHW79 | Zm00001d050259 | Uncharacterized protein | 19,50 | 15,55 | 8,16 | | | |
| NC292 | Zm00001d051174 | Aquaporin PIP2-3 | 21,96 | 11,74 | 3,70 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d051174 | Aquaporin PIP2-3 | 97,84 | 4,16 | 4,59 | | | |
| PHT10 | Zm00001d051174 | Aquaporin PIP2-3 | 217,21 | 213,52 | 24,01 | | | |
| PHW52 | Zm00001d051174 | Aquaporin PIP2-3 | 55,64 | 80,89 | 36,17 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d051174 | Aquaporin PIP2-3 | 77,50 | 60,36 | 27,36 | | | |
| NC292 | Zm00001d052170 | Uncharacterized protein | 3,46 | 2,61 | 2,84 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d052170 | Uncharacterized protein | 6,21 | 2,72 | 2,14 | | | |
| PHW52 | Zm00001d052170 | Uncharacterized protein | 11,87 | 10,45 | 4,06 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d052170 | Uncharacterized protein | 29,85 | 7,35 | 5,59 | | | |
| PHW79 | Zm00001d052170 | Uncharacterized protein | 10,93 | 3,80 | 2,93 | | | |
| NC292 | Zm00001d052253 | Uncharacterized protein | 15,40 | 6,70 | 3,98 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d052253 | Uncharacterized protein | 33,29 | 8,25 | 3,54 | | | |
| PHW52 | Zm00001d052253 | Uncharacterized protein | 52,87 | 45,30 | 4,80 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d052253 | Uncharacterized protein | 223,58 | 32,89 | 13,91 | | | |
| PA8637 | Zm00001d052253 | Uncharacterized protein | 34,01 | 27,50 | 5,09 | | | |
| PHW79 | Zm00001d052253 | Uncharacterized protein | 119,40 | 14,05 | 10,26 | | | |
| NC292 | Zm00001d052653 | Respiratory burst oxidase protein D variant alpha | 3,59 | 3,09 | 3,73 | | | |
| PHBB3 | Zm00001d052653 | Respiratory burst oxidase protein D variant alpha | 7,19 | 3,45 | 2,52 | | | |
| PHHB9 | Zm00001d052653 | Respiratory burst oxidase protein D variant alpha | 18,28 | 3,82 | 2,97 | | | |
| PA8637 | Zm00001d052653 | Respiratory burst oxidase protein D variant alpha | 4,62 | 5,09 | 2,33 | | | |
| PHW79 | Zm00001d052653 | Respiratory burst oxidase protein D variant alpha | 18,74 | 6,91 | 6,48 | | | |
| DEGs 60 days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (> 2) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| PHW52 | Zm00001d000556 | | 23,03 | 2,73 | 6,68 | 3,13 | | |
| PHHB9 | Zm00001d000556 | | 22,80 | 5,58 | 10,36 | 4,23 | | |
| PA8637 | Zm00001d000556 | | 16,51 | 4,59 | 11,30 | 4,03 | | |
| PHHB9 | Zm00001d002776 | fgenes | 1659,10 | 197,27 | 121,11 | 20,20 | | |
| PA8637 | Zm00001d002776 | fgenes | 337,71 | 248,94 | 97,75 | 19,84 | | |
| PHW79 | Zm00001d002776 | fgenes | 1032,50 | 257,83 | 165,76 | 56,59 | | |
| PHW52 | Zm00001d002847 | Uncharacterized protein | 42,83 | 22,13 | 9,51 | 4,90 | | |
| PHHB9 | Zm00001d002847 | Uncharacterized protein | 208,10 | 34,77 | 25,89 | 4,31 | | |
| PA8637 | Zm00001d002847 | Uncharacterized protein | 30,37 | 17,23 | 5,68 | 6,56 | | |
| PHW52 | Zm00001d003190 | Endochitinase A | 36,84 | 68,69 | 13,54 | 4,35 | | |
| PHHB9 | Zm00001d003190 | Endochitinase A | 293,73 | 95,35 | 21,38 | 7,15 | | |
| PA8637 | Zm00001d003190 | Endochitinase A | 23,29 | 11,83 | 2,68 | 3,53 | | |
| PHW52 | Zm00001d004524 | Uncharacterized protein | 236,06 | 260,67 | 34,79 | 6,72 | | |
| PHHB9 | Zm00001d004524 | Uncharacterized protein | 1464,19 | 158,87 | 117,39 | 19,82 | | |
| PA8637 | Zm00001d004524 | Uncharacterized protein | 86,89 | 63,40 | 16,88 | 6,39 | | |
| PHW52 | Zm00001d005001 | Carbohydrate transporter/ sugar porter/ transporter | 3,77 | 3,77 | 3,24 | 2,99 | | |
| PHHB9 | Zm00001d005001 | Carbohydrate transporter/ sugar porter/ transporter | 3,41 | 4,34 | 4,43 | 3,61 | | |
| PHW79 | Zm00001d005001 | Carbohydrate transporter/ sugar porter/ transporter | 20,39 | 9,49 | 13,88 | 8,66 | | |
| PHW52 | Zm00001d006211 | Senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1 | 52,53 | 25,31 | 11,61 | 3,80 | | |
| PHHB9 | Zm00001d006211 | Senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1 | 70,55 | 17,88 | 13,98 | 2,71 | | |
| PA8637 | Zm00001d006211 | Senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1 | 23,40 | 14,50 | 9,22 | 4,05 | | |
| PHW52 | Zm00001d006688 | Uncharacterized protein | 30,76 | 65,17 | 18,62 | 3,82 | | |
| PHHB9 | Zm00001d006688 | Uncharacterized protein | 102,41 | 63,65 | 43,55 | 5,48 | | |
| PA8637 | Zm00001d006688 | Uncharacterized protein | 32,79 | 63,21 | 12,81 | 4,41 | | |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | | |
|--------|----------------|--|---------|---------|--------|-------|
| PHT10 | Zm00001d006753 | Indole-3-acetic acid amido synthetase | 630,10 | 153,83 | 16,57 | 7,08 |
| PHHB9 | Zm00001d006753 | Indole-3-acetic acid amido synthetase | 144,80 | 67,32 | 67,07 | 8,01 |
| PA8637 | Zm00001d006753 | Indole-3-acetic acid amido synthetase | 45,22 | 34,02 | 41,08 | 14,12 |
| PHW52 | Zm00001d006947 | Cytochrome P450 CYP709C14 | 1384,35 | 5341,03 | 551,45 | 42,47 |
| PHHB9 | Zm00001d006947 | Cytochrome P450 CYP709C14 | 1563,64 | 563,69 | 335,84 | 19,78 |
| PHW79 | Zm00001d006947 | Cytochrome P450 CYP709C14 | 1304,24 | 121,15 | 236,07 | 29,26 |
| PHW52 | Zm00001d007753 | Uncharacterized protein | 378,38 | 375,08 | 47,38 | 22,03 |
| PHHB9 | Zm00001d007753 | Uncharacterized protein | 1977,71 | 282,87 | 84,88 | 16,77 |
| PA8637 | Zm00001d007753 | Uncharacterized protein | 131,30 | 64,41 | 9,11 | 13,15 |
| PHW52 | Zm00001d008340 | Uncharacterized protein | 58,18 | 36,51 | 10,34 | 5,61 |
| PHHB9 | Zm00001d008340 | Uncharacterized protein | 226,29 | 37,34 | 26,78 | 8,28 |
| PA8637 | Zm00001d008340 | Uncharacterized protein | 26,55 | 18,15 | 6,19 | 3,64 |
| PHT10 | Zm00001d008862 | Uncharacterized protein | 20,88 | 244,53 | 15,45 | 22,63 |
| PHHB9 | Zm00001d008862 | Uncharacterized protein | 18,68 | 22,00 | 161,06 | 20,38 |
| PA8637 | Zm00001d008862 | Uncharacterized protein | 16,18 | 61,73 | 920,70 | 64,24 |
| PHW52 | Zm00001d008925 | Esterase | 25,07 | 23,31 | 11,93 | 4,90 |
| PHHB9 | Zm00001d008925 | Esterase | 70,30 | 18,75 | 13,85 | 3,47 |
| PA8637 | Zm00001d008925 | Esterase | 7,91 | 4,36 | 4,28 | 2,69 |
| PHW52 | Zm00001d008985 | | 108,96 | 88,64 | 23,36 | 6,79 |
| PHHB9 | Zm00001d008985 | | 61,24 | 26,83 | 20,21 | 8,26 |
| PHW79 | Zm00001d008985 | | 50,14 | 19,77 | 11,50 | 5,36 |
| PHW52 | Zm00001d009112 | Uncharacterized protein | 38,99 | 18,50 | 10,20 | 4,46 |
| PHHB9 | Zm00001d009112 | Uncharacterized protein | 101,42 | 18,24 | 17,16 | 6,59 |
| PA8637 | Zm00001d009112 | Uncharacterized protein | 33,48 | 13,13 | 8,51 | 5,25 |
| PHT10 | Zm00001d009631 | Uncharacterized protein | 23,95 | 13,97 | 5,28 | 3,01 |
| PHHB9 | Zm00001d009631 | Uncharacterized protein | 13,99 | 11,93 | 9,75 | 7,48 |
| PA8637 | Zm00001d009631 | Uncharacterized protein | 7,09 | 3,35 | 5,23 | 4,71 |
| PHT10 | Zm00001d012510 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 78,97 | 35,86 | 11,28 | 3,57 |
| PHW52 | Zm00001d012510 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 35,53 | 52,17 | 21,73 | 6,51 |
| PHHB9 | Zm00001d012510 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 116,46 | 129,96 | 113,98 | 17,45 |
| PHW52 | Zm00001d013907 | Nonspecific lipid-transfer protein | 219,75 | 95,76 | 40,98 | 19,27 |
| PHHB9 | Zm00001d013907 | Nonspecific lipid-transfer protein | 281,62 | 37,64 | 20,74 | 11,03 |
| PA8637 | Zm00001d013907 | Nonspecific lipid-transfer protein | 170,57 | 109,34 | 16,09 | 12,84 |
| PHW52 | Zm00001d014121 | Uncharacterized protein | 45,89 | 16,65 | 7,94 | 2,56 |
| PHHB9 | Zm00001d014121 | Uncharacterized protein | 854,39 | 107,24 | 99,94 | 29,44 |
| PA8637 | Zm00001d014121 | Uncharacterized protein | 23,41 | 9,38 | 4,74 | 6,43 |
| PHW52 | Zm00001d014405 | Uncharacterized protein | 14,28 | 8,54 | 4,68 | 3,03 |
| PHHB9 | Zm00001d014405 | Uncharacterized protein | 24,58 | 11,37 | 8,56 | 4,87 |
| PHW79 | Zm00001d014405 | Uncharacterized protein | 16,80 | 8,71 | 6,43 | 4,53 |
| PHW52 | Zm00001d014748 | genebuilder | 15,36 | 28,20 | 11,06 | 3,83 |
| PHHB9 | Zm00001d014748 | genebuilder | 67,87 | 34,11 | 17,07 | 4,23 |
| PA8637 | Zm00001d014748 | genebuilder | 3,66 | 3,18 | 4,13 | 2,87 |
| PHW52 | Zm00001d016558 | genebuilder | 115,36 | 161,84 | 52,68 | 30,75 |
| PHHB9 | Zm00001d016558 | genebuilder | 1753,93 | 134,18 | 104,39 | 13,89 |
| PA8637 | Zm00001d016558 | genebuilder | 383,69 | 238,91 | 47,28 | 13,93 |
| PHW52 | Zm00001d016616 | genebuilder | 71,45 | 43,67 | 13,97 | 5,40 |
| PHHB9 | Zm00001d016616 | genebuilder | 91,46 | 28,55 | 18,51 | 3,71 |
| PA8637 | Zm00001d016616 | genebuilder | 40,20 | 26,93 | 14,25 | 6,16 |
| PHW52 | Zm00001d016760 | genebuilder | 8,01 | 3,41 | 2,33 | 3,55 |
| PHHB9 | Zm00001d016760 | genebuilder | 102,25 | 15,50 | 8,44 | 6,02 |
| PA8637 | Zm00001d016760 | genebuilder | 14,36 | 4,44 | 3,97 | 5,64 |
| PHW52 | Zm00001d017152 | Endochitinase PR4 | 10,15 | 16,13 | 4,54 | 4,36 |
| PHHB9 | Zm00001d017152 | Endochitinase PR4 | 43,55 | 10,66 | 6,48 | 7,91 |
| PA8637 | Zm00001d017152 | Endochitinase PR4 | 6,10 | 6,82 | 3,55 | 3,79 |
| PHW52 | Zm00001d017965 | genebuilder | 15,83 | 15,34 | 13,43 | 12,39 |
| PHHB9 | Zm00001d017965 | genebuilder | 5,71 | 4,26 | 4,70 | 3,65 |
| PA8637 | Zm00001d017965 | genebuilder | 16,09 | 10,22 | 5,41 | 4,02 |
| PHW52 | Zm00001d018220 | Glutathione S-transferase GST 24 | 22,76 | 13,38 | 6,06 | 3,03 |
| PHHB9 | Zm00001d018220 | Glutathione S-transferase GST 24 | 62,48 | 19,63 | 10,47 | 3,53 |
| PA8637 | Zm00001d018220 | Glutathione S-transferase GST 24 | 3,60 | 3,08 | 2,86 | 4,10 |
| PHW52 | Zm00001d018966 | Uncharacterized protein | 127,89 | 247,02 | 21,20 | 3,26 |
| PHHB9 | Zm00001d018966 | Uncharacterized protein | 665,06 | 131,49 | 30,48 | 6,53 |
| PA8637 | Zm00001d018966 | Uncharacterized protein | 43,72 | 40,61 | 8,44 | 11,64 |
| PHW52 | Zm00001d019457 | genebuilder | 98,33 | 78,53 | 14,57 | 14,96 |
| PHHB9 | Zm00001d019457 | genebuilder | 151,54 | 30,26 | 15,33 | 14,38 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | | |
|--------|----------------|--|---------|---------|--------|-------|
| PA8637 | Zm00001d019457 | genebuilder | 28,68 | 14,46 | 5,79 | 3,25 |
| PHW52 | Zm00001d020378 | genebuilder | 155,34 | 84,05 | 10,68 | 6,37 |
| PHHB9 | Zm00001d020378 | genebuilder | 16,24 | 7,73 | 8,13 | 4,06 |
| PA8637 | Zm00001d020378 | genebuilder | 49,19 | 26,20 | 7,24 | 8,47 |
| PHW52 | Zm00001d020921 | Uncharacterized protein | 690,39 | 384,48 | 59,72 | 27,46 |
| PHHB9 | Zm00001d020921 | Uncharacterized protein | 1343,40 | 71,39 | 38,83 | 14,40 |
| PA8637 | Zm00001d020921 | Uncharacterized protein | 176,59 | 39,64 | 6,55 | 5,69 |
| PHW52 | Zm00001d020953 | genebuilder | 21,54 | 12,81 | 7,83 | 5,27 |
| PHHB9 | Zm00001d020953 | genebuilder | 97,40 | 45,95 | 32,71 | 17,61 |
| PA8637 | Zm00001d020953 | genebuilder | 21,55 | 10,89 | 6,04 | 3,54 |
| PHW52 | Zm00001d020984 | Uncharacterized protein | 2,19 | 10,72 | 7,95 | 5,59 |
| PHHB9 | Zm00001d020984 | Uncharacterized protein | 3,23 | 9,03 | 11,78 | 4,00 |
| PHW79 | Zm00001d020984 | Uncharacterized protein | 13,43 | 5,90 | 10,59 | 6,51 |
| PHW52 | Zm00001d021666 | Isocitrate lyase | 1688,35 | 1524,42 | 338,71 | 23,00 |
| PHHB9 | Zm00001d021666 | Isocitrate lyase | 2141,38 | 99,96 | 36,11 | 16,02 |
| PA8637 | Zm00001d021666 | Isocitrate lyase | 1491,19 | 1546,14 | 88,09 | 14,27 |
| PHT10 | Zm00001d022017 | Uncharacterized protein | 387,06 | 309,83 | 28,10 | 15,63 |
| PHHB9 | Zm00001d022017 | Uncharacterized protein | 75,87 | 39,08 | 49,69 | 4,54 |
| PHW79 | Zm00001d022017 | Uncharacterized protein | 31,62 | 20,60 | 59,62 | 17,49 |
| PHW52 | Zm00001d022424 | NAC domain transcription factor | 98,52 | 109,81 | 39,48 | 3,20 |
| PA8637 | Zm00001d022424 | NAC domain transcription factor | 153,86 | 321,22 | 36,77 | 4,17 |
| PHW79 | Zm00001d022424 | NAC domain transcription factor | 276,95 | 44,16 | 67,53 | 16,81 |
| PHW52 | Zm00001d024207 | | 19,16 | 15,49 | 3,90 | 3,96 |
| PHHB9 | Zm00001d024207 | | 43,73 | 45,78 | 14,02 | 11,08 |
| PA8637 | Zm00001d024207 | | 12,23 | 2,40 | 3,22 | 3,17 |
| PHW52 | Zm00001d024960 | Uncharacterized protein | 82,31 | 44,78 | 8,39 | 7,47 |
| PHHB9 | Zm00001d024960 | Uncharacterized protein | 435,51 | 94,64 | 24,43 | 12,41 |
| PA8637 | Zm00001d024960 | Uncharacterized protein | 47,55 | 9,87 | 3,37 | 7,29 |
| PHW52 | Zm00001d024996 | Bowman-Birk type trypsin inhibitor | 323,64 | 198,61 | 30,74 | 11,38 |
| PHHB9 | Zm00001d024996 | Bowman-Birk type trypsin inhibitor | 1025,17 | 208,05 | 52,56 | 10,18 |
| PA8637 | Zm00001d024996 | Bowman-Birk type trypsin inhibitor | 120,58 | 43,46 | 12,68 | 8,71 |
| PHW52 | Zm00001d025057 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 11,76 | 5,47 | 4,31 | 3,97 |
| PHHB9 | Zm00001d025057 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 43,74 | 10,35 | 8,83 | 5,50 |
| PA8637 | Zm00001d025057 | NAD(P)H-dependent oxidoreductase | 7,60 | 3,96 | 3,39 | 2,89 |
| PHW52 | Zm00001d025437 | Amino acid permease | 13,23 | 10,56 | 6,68 | 4,64 |
| PHHB9 | Zm00001d025437 | Amino acid permease | 22,38 | 8,92 | 7,93 | 3,39 |
| PA8637 | Zm00001d025437 | Amino acid permease | 5,42 | 6,15 | 4,22 | 2,67 |
| PHT10 | Zm00001d026042 | Uncharacterized protein | 23,46 | 32,29 | 7,66 | 3,68 |
| PHW52 | Zm00001d026042 | Uncharacterized protein | 11,07 | 5,18 | 9,76 | 2,30 |
| PHHB9 | Zm00001d026042 | Uncharacterized protein | 31,18 | 15,29 | 21,84 | 4,80 |
| PA8637 | Zm00001d026042 | Uncharacterized protein | 22,56 | 5,24 | 12,77 | 5,16 |
| PHW79 | Zm00001d026042 | Uncharacterized protein | 14,47 | 6,11 | 2,69 | 4,82 |
| PHW52 | Zm00001d026426 | Uncharacterized protein | 6,16 | 7,39 | 7,02 | 4,49 |
| PHHB9 | Zm00001d026426 | Uncharacterized protein | 35,75 | 30,86 | 38,02 | 9,26 |
| PA8637 | Zm00001d026426 | Uncharacterized protein | 5,77 | 5,55 | 8,44 | 3,99 |
| PHW52 | Zm00001d027732 | genebuilder | 34,40 | 24,37 | 19,61 | 3,88 |
| PA8637 | Zm00001d027732 | genebuilder | 16,59 | 8,12 | 21,55 | 4,46 |
| PHW79 | Zm00001d027732 | genebuilder | 48,40 | 24,44 | 12,76 | 8,23 |
| PHW52 | Zm00001d029383 | Uncharacterized protein | 72,85 | 27,38 | 11,12 | 3,39 |
| PHHB9 | Zm00001d029383 | Uncharacterized protein | 100,68 | 32,18 | 13,13 | 4,88 |
| PA8637 | Zm00001d029383 | Uncharacterized protein | 46,74 | 19,62 | 9,53 | 4,51 |
| PHW52 | Zm00001d030544 | Glyoxylate reductase | 52,83 | 39,14 | 14,28 | 4,46 |
| PHHB9 | Zm00001d030544 | Glyoxylate reductase | 179,77 | 51,80 | 44,95 | 5,63 |
| PA8637 | Zm00001d030544 | Glyoxylate reductase | 68,99 | 33,82 | 19,16 | 4,60 |
| PHW52 | Zm00001d035162 | LHT1 | 29,07 | 27,19 | 11,77 | 6,61 |
| PHHB9 | Zm00001d035162 | LHT1 | 175,26 | 44,98 | 31,76 | 12,91 |
| PA8637 | Zm00001d035162 | LHT1 | 13,65 | 5,90 | 6,05 | 3,57 |
| PHW52 | Zm00001d036242 | ZCN15 | 17,98 | 17,15 | 17,66 | 6,37 |
| PHHB9 | Zm00001d036242 | ZCN15 | 11,55 | 14,90 | 14,44 | 5,21 |
| PA8637 | Zm00001d036242 | ZCN15 | 7,02 | 8,15 | 8,22 | 5,52 |
| PHW52 | Zm00001d037318 | Putative AMP-dependent synthetase and ligase superfamily protein | 9,02 | 3,99 | 4,25 | 3,62 |
| PHHB9 | Zm00001d037318 | Putative AMP-dependent synthetase and ligase superfamily protein | 8,30 | 3,06 | 5,67 | 3,47 |
| PHW79 | Zm00001d037318 | Putative AMP-dependent synthetase and ligase superfamily protein | 4,43 | 7,28 | 4,05 | 3,56 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|--------|-------|
| PHT10 | Zm00001d037894 | Dehydrin DHN1 | 3745,89 | 181,64 | 14,83 | 11,83 |
| PHHB9 | Zm00001d037894 | Dehydrin DHN1 | 728,12 | 408,03 | 167,59 | 35,16 |
| PA8637 | Zm00001d037894 | Dehydrin DHN1 | 10,37 | 158,89 | 16,59 | 5,62 |
| PHW52 | Zm00001d040094 | genebuilder | 47,53 | 26,76 | 15,41 | 6,02 |
| PHHB9 | Zm00001d040094 | genebuilder | 93,37 | 18,97 | 13,89 | 4,91 |
| PA8637 | Zm00001d040094 | genebuilder | 19,44 | 7,05 | 6,43 | 5,33 |
| PHW52 | Zm00001d040245 | Putative serine type endopeptidase inhibitor | 30,63 | 23,76 | 6,49 | 4,42 |
| PHHB9 | Zm00001d040245 | Putative serine type endopeptidase inhibitor | 129,29 | 40,17 | 22,39 | 8,65 |
| PA8637 | Zm00001d040245 | Putative serine type endopeptidase inhibitor | 9,79 | 4,59 | 3,47 | 4,58 |
| PHW52 | Zm00001d041082 | Uncharacterized protein | 36,87 | 11,67 | 6,28 | 4,92 |
| PHHB9 | Zm00001d041082 | Uncharacterized protein | 130,86 | 29,32 | 20,81 | 11,53 |
| PA8637 | Zm00001d041082 | Uncharacterized protein | 8,92 | 3,18 | 4,28 | 3,30 |
| PHW52 | Zm00001d041472 | genebuilder | 68,71 | 59,09 | 19,24 | 5,16 |
| PHHB9 | Zm00001d041472 | genebuilder | 56,52 | 25,56 | 12,06 | 3,26 |
| PA8637 | Zm00001d041472 | genebuilder | 131,70 | 141,62 | 42,07 | 9,00 |
| PHW79 | Zm00001d041472 | genebuilder | 27,39 | 20,71 | 8,72 | 4,94 |
| PHT10 | Zm00001d041972 | genebuilder | 16,23 | 17,83 | 3,42 | 3,23 |
| PHHB9 | Zm00001d041972 | genebuilder | 19,47 | 17,55 | 14,33 | 4,05 |
| PHW79 | Zm00001d041972 | genebuilder | 8,41 | 9,90 | 12,11 | 9,62 |
| PHW52 | Zm00001d042114 | Putative uncharacterized protein | 25,12 | 24,05 | 6,73 | 3,44 |
| PHHB9 | Zm00001d042114 | Putative uncharacterized protein | 54,12 | 8,74 | 5,55 | 3,94 |
| PA8637 | Zm00001d042114 | Putative uncharacterized protein | 12,73 | 9,72 | 5,13 | 5,21 |
| PHHB9 | Zm00001d042863 | | 23,03 | 21,97 | 18,53 | 4,77 |
| PA8637 | Zm00001d042863 | | 26,08 | 25,57 | 10,34 | 6,51 |
| PHW79 | Zm00001d042863 | | 22,89 | 6,62 | 7,30 | 5,21 |
| PHW52 | Zm00001d042868 | Uncharacterized protein | 5,75 | 3,32 | 2,99 | 2,83 |
| PHHB9 | Zm00001d042868 | Uncharacterized protein | 7,21 | 5,57 | 6,38 | 3,96 |
| PA8637 | Zm00001d042868 | Uncharacterized protein | 4,08 | 3,43 | 3,55 | 3,38 |
| PHW52 | Zm00001d043344 | Glutathione S-transferase IV | 130,13 | 98,92 | 69,41 | 13,41 |
| PHHB9 | Zm00001d043344 | Glutathione S-transferase IV | 123,19 | 59,01 | 95,72 | 8,57 |
| PA8637 | Zm00001d043344 | Glutathione S-transferase IV | 38,05 | 22,58 | 35,05 | 10,47 |
| PHW52 | Zm00001d043350 | Uncharacterized protein | 195,83 | 369,53 | 16,53 | 7,26 |
| PHHB9 | Zm00001d043350 | Uncharacterized protein | 5577,55 | 327,12 | 286,09 | 21,28 |
| PA8637 | Zm00001d043350 | Uncharacterized protein | 1394,14 | 1052,47 | 108,63 | 35,34 |
| PHW52 | Zm00001d043651 | Uncharacterized protein | 807,36 | 534,67 | 51,79 | 12,95 |
| PHHB9 | Zm00001d043651 | Uncharacterized protein | 2753,26 | 334,95 | 167,15 | 8,74 |
| PA8637 | Zm00001d043651 | Uncharacterized protein | 545,50 | 190,46 | 23,24 | 16,07 |
| PHW52 | Zm00001d043912 | | 21,44 | 14,52 | 12,56 | 5,35 |
| PHHB9 | Zm00001d043912 | | 11,58 | 6,06 | 8,35 | 3,30 |
| PHW79 | Zm00001d043912 | | 78,43 | 11,05 | 6,28 | 5,13 |
| PHW52 | Zm00001d045361 | Uncharacterized protein | 178,15 | 125,88 | 61,81 | 22,20 |
| PHHB9 | Zm00001d045361 | Uncharacterized protein | 498,92 | 50,49 | 39,51 | 8,31 |
| PA8637 | Zm00001d045361 | Uncharacterized protein | 74,30 | 36,20 | 15,59 | 7,30 |
| PHW52 | Zm00001d045884 | Uncharacterized protein | 46,47 | 37,92 | 9,73 | 5,50 |
| PHHB9 | Zm00001d045884 | Uncharacterized protein | 552,09 | 99,56 | 66,35 | 12,90 |
| PA8637 | Zm00001d045884 | Uncharacterized protein | 22,72 | 11,16 | 5,84 | 2,89 |
| PHW52 | Zm00001d046318 | Putative FAD-binding Berberine family protein | 54,94 | 36,44 | 5,37 | 3,94 |
| PHHB9 | Zm00001d046318 | Putative FAD-binding Berberine family protein | 255,68 | 22,61 | 9,28 | 3,42 |
| PA8637 | Zm00001d046318 | Putative FAD-binding Berberine family protein | 21,30 | 6,39 | 2,63 | 3,33 |
| PHW52 | Zm00001d048021 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 27,67 | 39,87 | 11,19 | 4,19 |
| PHHB9 | Zm00001d048021 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 114,10 | 37,30 | 20,13 | 5,05 |
| PA8637 | Zm00001d048021 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 26,46 | 16,96 | 11,08 | 4,24 |
| PHW52 | Zm00001d048189 | Uncharacterized protein | 122,72 | 112,27 | 25,26 | 5,68 |
| PHHB9 | Zm00001d048189 | Uncharacterized protein | 1038,62 | 125,35 | 56,34 | 10,86 |
| PA8637 | Zm00001d048189 | Uncharacterized protein | 41,22 | 9,65 | 14,25 | 6,22 |
| PHW52 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 69,30 | 32,75 | 8,41 | 2,92 |
| PHHB9 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 314,16 | 57,12 | 35,08 | 7,69 |
| PA8637 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 51,84 | 21,03 | 5,39 | 3,73 |
| PHW79 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 231,58 | 37,93 | 17,02 | 4,40 |
| PHW52 | Zm00001d049028 | Chitinase 1 | 122,96 | 88,71 | 28,19 | 6,19 |
| PHHB9 | Zm00001d049028 | Chitinase 1 | 93,51 | 26,22 | 10,80 | 5,27 |
| PA8637 | Zm00001d049028 | Chitinase 1 | 10,30 | 4,53 | 2,30 | 3,22 |
| PHW52 | Zm00001d049381 | Adhesive/proline-rich protein | 76,73 | 84,12 | 17,77 | 7,95 |
| PHHB9 | Zm00001d049381 | Adhesive/proline-rich protein | 151,95 | 35,47 | 25,00 | 5,73 |
| PA8637 | Zm00001d049381 | Adhesive/proline-rich protein | 51,96 | 72,53 | 13,04 | 5,02 |

Tabla A-II (Continuación)

| | | | | | | |
|--------|----------------|---|---------|---------|--------|-------|
| PHT10 | Zm00001d037894 | Dehydrin DHN1 | 3745,89 | 181,64 | 14,83 | 11,83 |
| PHHB9 | Zm00001d037894 | Dehydrin DHN1 | 728,12 | 408,03 | 167,59 | 35,16 |
| PA8637 | Zm00001d037894 | Dehydrin DHN1 | 10,37 | 158,89 | 16,59 | 5,62 |
| PHW52 | Zm00001d040094 | genebuilder | 47,53 | 26,76 | 15,41 | 6,02 |
| PHHB9 | Zm00001d040094 | genebuilder | 93,37 | 18,97 | 13,89 | 4,91 |
| PA8637 | Zm00001d040094 | genebuilder | 19,44 | 7,05 | 6,43 | 5,33 |
| PHW52 | Zm00001d040245 | Putative serine type endopeptidase inhibitor | 30,63 | 23,76 | 6,49 | 4,42 |
| PHHB9 | Zm00001d040245 | Putative serine type endopeptidase inhibitor | 129,29 | 40,17 | 22,39 | 8,65 |
| PA8637 | Zm00001d040245 | Putative serine type endopeptidase inhibitor | 9,79 | 4,59 | 3,47 | 4,58 |
| PHW52 | Zm00001d041082 | Uncharacterized protein | 36,87 | 11,67 | 6,28 | 4,92 |
| PHHB9 | Zm00001d041082 | Uncharacterized protein | 130,86 | 29,32 | 20,81 | 11,53 |
| PA8637 | Zm00001d041082 | Uncharacterized protein | 8,92 | 3,18 | 4,28 | 3,30 |
| PHW52 | Zm00001d041472 | genebuilder | 68,71 | 59,09 | 19,24 | 5,16 |
| PHHB9 | Zm00001d041472 | genebuilder | 56,52 | 25,56 | 12,06 | 3,26 |
| PA8637 | Zm00001d041472 | genebuilder | 131,70 | 141,62 | 42,07 | 9,00 |
| PHW79 | Zm00001d041472 | genebuilder | 27,39 | 20,71 | 8,72 | 4,94 |
| PHT10 | Zm00001d041972 | genebuilder | 16,23 | 17,83 | 3,42 | 3,23 |
| PHHB9 | Zm00001d041972 | genebuilder | 19,47 | 17,55 | 14,33 | 4,05 |
| PHW79 | Zm00001d041972 | genebuilder | 8,41 | 9,90 | 12,11 | 9,62 |
| PHW52 | Zm00001d042114 | Putative uncharacterized protein | 25,12 | 24,05 | 6,73 | 3,44 |
| PHHB9 | Zm00001d042114 | Putative uncharacterized protein | 54,12 | 8,74 | 5,55 | 3,94 |
| PA8637 | Zm00001d042114 | Putative uncharacterized protein | 12,73 | 9,72 | 5,13 | 5,21 |
| PHHB9 | Zm00001d042863 | | 23,03 | 21,97 | 18,53 | 4,77 |
| PA8637 | Zm00001d042863 | | 26,08 | 25,57 | 10,34 | 6,51 |
| PHW79 | Zm00001d042863 | | 22,89 | 6,62 | 7,30 | 5,21 |
| PHW52 | Zm00001d042868 | Uncharacterized protein | 5,75 | 3,32 | 2,99 | 2,83 |
| PHHB9 | Zm00001d042868 | Uncharacterized protein | 7,21 | 5,57 | 6,38 | 3,96 |
| PA8637 | Zm00001d042868 | Uncharacterized protein | 4,08 | 3,43 | 3,55 | 3,38 |
| PHW52 | Zm00001d043344 | Glutathione S-transferase IV | 130,13 | 98,92 | 69,41 | 13,41 |
| PHHB9 | Zm00001d043344 | Glutathione S-transferase IV | 123,19 | 59,01 | 95,72 | 8,57 |
| PA8637 | Zm00001d043344 | Glutathione S-transferase IV | 38,05 | 22,58 | 35,05 | 10,47 |
| PHW52 | Zm00001d043350 | Uncharacterized protein | 195,83 | 369,53 | 16,53 | 7,26 |
| PHHB9 | Zm00001d043350 | Uncharacterized protein | 5577,55 | 327,12 | 286,09 | 21,28 |
| PA8637 | Zm00001d043350 | Uncharacterized protein | 1394,14 | 1052,47 | 108,63 | 35,34 |
| PHW52 | Zm00001d043651 | Uncharacterized protein | 807,36 | 534,67 | 51,79 | 12,95 |
| PHHB9 | Zm00001d043651 | Uncharacterized protein | 2753,26 | 334,95 | 167,15 | 8,74 |
| PA8637 | Zm00001d043651 | Uncharacterized protein | 545,50 | 190,46 | 23,24 | 16,07 |
| PHW52 | Zm00001d043912 | | 21,44 | 14,52 | 12,56 | 5,35 |
| PHHB9 | Zm00001d043912 | | 11,58 | 6,06 | 8,35 | 3,30 |
| PHW79 | Zm00001d043912 | | 78,43 | 11,05 | 6,28 | 5,13 |
| PHW52 | Zm00001d045361 | Uncharacterized protein | 178,15 | 125,88 | 61,81 | 22,20 |
| PHHB9 | Zm00001d045361 | Uncharacterized protein | 498,92 | 50,49 | 39,51 | 8,31 |
| PA8637 | Zm00001d045361 | Uncharacterized protein | 74,30 | 36,20 | 15,59 | 7,30 |
| PHW52 | Zm00001d045884 | Uncharacterized protein | 46,47 | 37,92 | 9,73 | 5,50 |
| PHHB9 | Zm00001d045884 | Uncharacterized protein | 552,09 | 99,56 | 66,35 | 12,90 |
| PA8637 | Zm00001d045884 | Uncharacterized protein | 22,72 | 11,16 | 5,84 | 2,89 |
| PHW52 | Zm00001d046318 | Putative FAD-binding Berberine family protein | 54,94 | 36,44 | 5,37 | 3,94 |
| PHHB9 | Zm00001d046318 | Putative FAD-binding Berberine family protein | 255,68 | 22,61 | 9,28 | 3,42 |
| PA8637 | Zm00001d046318 | Putative FAD-binding Berberine family protein | 21,30 | 6,39 | 2,63 | 3,33 |
| PHW52 | Zm00001d048021 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 27,67 | 39,87 | 11,19 | 4,19 |
| PHHB9 | Zm00001d048021 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 114,10 | 37,30 | 20,13 | 5,05 |
| PA8637 | Zm00001d048021 | Putative cytochrome P450 superfamily protein | 26,46 | 16,96 | 11,08 | 4,24 |
| PHW52 | Zm00001d048189 | Uncharacterized protein | 122,72 | 112,27 | 25,26 | 5,68 |
| PHHB9 | Zm00001d048189 | Uncharacterized protein | 1038,62 | 125,35 | 56,34 | 10,86 |
| PA8637 | Zm00001d048189 | Uncharacterized protein | 41,22 | 9,65 | 14,25 | 6,22 |
| PHW52 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 69,30 | 32,75 | 8,41 | 2,92 |
| PHHB9 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 314,16 | 57,12 | 35,08 | 7,69 |
| PA8637 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 51,84 | 21,03 | 5,39 | 3,73 |
| PHW79 | Zm00001d048333 | Uncharacterized protein | 231,58 | 37,93 | 17,02 | 4,40 |
| PHW52 | Zm00001d049028 | Chitinase 1 | 122,96 | 88,71 | 28,19 | 6,19 |
| PHHB9 | Zm00001d049028 | Chitinase 1 | 93,51 | 26,22 | 10,80 | 5,27 |
| PA8637 | Zm00001d049028 | Chitinase 1 | 10,30 | 4,53 | 2,30 | 3,22 |
| PHW52 | Zm00001d049381 | Adhesive/proline-rich protein | 76,73 | 84,12 | 17,77 | 7,95 |
| PHHB9 | Zm00001d049381 | Adhesive/proline-rich protein | 151,95 | 35,47 | 25,00 | 5,73 |
| PA8637 | Zm00001d049381 | Adhesive/proline-rich protein | 51,96 | 72,53 | 13,04 | 5,02 |

Tabla A-II (Continuación)

| PHW52 | Zm00001d051525 | Oligopeptide transporter 4 | 19,97 | 14,56 | 9,47 | 2,49 | | |
|--------------------------------------|-----------------|--|-------------------|-------|-------|-------|-------|------|
| PA8637 | Zm00001d051525 | Oligopeptide transporter 4 | 10,18 | 4,54 | 6,90 | 5,45 | | |
| PHW79 | Zm00001d051525 | Oligopeptide transporter 4 | 3,97 | 7,78 | 9,14 | 3,21 | | |
| PHW52 | Zm00001d052060 | Putative trehalose phosphatase/synthase family protein | 33,72 | 29,49 | 8,38 | 2,83 | | |
| PHHB9 | Zm00001d052060 | Putative trehalose phosphatase/synthase family protein | 56,65 | 17,73 | 11,21 | 5,09 | | |
| PHW79 | Zm00001d052060 | Putative trehalose phosphatase/synthase family protein | 43,22 | 12,34 | 6,67 | 3,28 | | |
| PHW52 | Zm00001d052211 | Uncharacterized protein | 12,99 | 7,30 | 4,78 | 3,60 | | |
| PHHB9 | Zm00001d052211 | Uncharacterized protein | 19,36 | 10,36 | 8,07 | 4,01 | | |
| PHW79 | Zm00001d052211 | Uncharacterized protein | 5,63 | 5,13 | 2,80 | 4,06 | | |
| PHW52 | Zm00001d052543 | Putative bZIP transcription factor superfamily protein | 13,42 | 9,19 | 7,45 | 8,77 | | |
| PHHB9 | Zm00001d052543 | Putative bZIP transcription factor superfamily protein | 11,84 | 11,32 | 10,01 | 7,69 | | |
| PA8637 | Zm00001d052543 | Putative bZIP transcription factor superfamily protein | 11,45 | 12,41 | 8,16 | 6,42 | | |
| PHW52 | Zm00001d052545 | Uncharacterized protein | 25,71 | 26,28 | 11,89 | 6,95 | | |
| PHHB9 | Zm00001d052545 | Uncharacterized protein | 22,19 | 18,06 | 15,32 | 3,76 | | |
| PA8637 | Zm00001d052545 | Uncharacterized protein | 19,32 | 22,08 | 13,61 | 9,03 | | |
| DEGs 75 days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| Lines | AGPv4 gene name | Description | Fold Change (> 2) | | | | | |
| | | | 15 | 30 | 45 | 60 | 75 | 90 |
| PHW52 | Zm00001d021818 | genebuilder | 67,07 | 78,03 | 49,36 | 31,11 | 22,73 | |
| PHHB9 | Zm00001d021818 | genebuilder | 26,41 | 35,39 | 26,72 | 19,50 | 13,53 | |
| PHW79 | Zm00001d021818 | genebuilder | 16,17 | 21,88 | 30,70 | 20,45 | 9,72 | 7,70 |
| PHW52 | Zm00001d042944 | genebuilder | 48,45 | 11,10 | 29,03 | 5,43 | 7,21 | |
| PA8637 | Zm00001d042944 | genebuilder | 74,93 | 27,71 | 41,72 | 9,87 | 6,14 | |
| PHW79 | Zm00001d042944 | genebuilder | 14,54 | 20,57 | 7,53 | 21,39 | 3,54 | |
| PHW52 | Zm00001d047560 | Protein binding protein | 28,27 | 14,66 | 14,10 | 8,70 | 3,57 | |
| PHHB9 | Zm00001d047560 | Protein binding protein | 84,94 | 13,62 | 27,45 | 22,69 | 6,53 | |
| PHW79 | Zm00001d047560 | Protein binding protein | 23,63 | 11,86 | 3,07 | 5,11 | 5,18 | |

ANEXO 3

Tabla A-III 141 genes consistentes *down regulated* identificados durante la senescencia de líneas puras de maíz, de acuerdo a su perfil de expresión

| Down-Down-Down | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d006193 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d009503 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d010752 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d013967 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d014055 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d031253 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d038205 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d047916 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d000060 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d002256 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d003559 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d003563 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d007345 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d008700 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d009775 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d010690 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d010822 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d011285 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d013022 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d015375 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d017448 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d018467 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d023376 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d023929 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d028423 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d032318 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d033457 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 6 |
| Zm00001d034621 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d036046 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d036875 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d038365 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d039754 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d039866 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d041232 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042050 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d043240 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d043528 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d044040 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d044136 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d046595 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d048201 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d049443 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d050216 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| GRMZM5G801074 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d009028 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d014596 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d040212 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d040764 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d053569 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d000070 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d000197 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d002258 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d004330 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d005694 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d007956 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d008205 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d008612 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d009612 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d010321 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d010397 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |

Tabla A-III (Continuación)

| Down-Down-Down | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d012973 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d013532 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d016066 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d016361 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d017041 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d019527 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d022500 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d024691 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d025099 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d025255 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d026111 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d026282 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d027488 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d029126 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d029443 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d029810 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d030958 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d031484 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d031749 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d032238 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d032495 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d032933 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d038155 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d038725 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d039118 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d039597 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d039625 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d040681 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d041416 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d042325 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d042345 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d042809 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d044242 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d046440 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d047723 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d048061 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d048737 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d051506 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d052263 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d000874 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d002426 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d003459 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d003632 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d003848 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d005950 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d009877 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d010440 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d015628 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d016897 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d017711 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d019057 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d019518 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d021177 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d021412 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d022406 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d024471 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d025509 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d031430 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d032332 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d033061 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d033543 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d034935 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d035135 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d037271 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |

Tabla A-III (Continuación)

| Down-Down-Down | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d037982 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d013532 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d038250 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d039061 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d040210 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d041439 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d043299 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d043829 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d044099 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d048705 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d049303 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d053446 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d053988 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d017766 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d019479 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d022229 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d028391 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d033719 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |

ANEXO 4

Tabla A-IV 220 genes consistentes *up regulated* identificados durante la senescencia de líneas puras de maíz, de acuerdo a su perfil de expresión

| Up-Up-Up | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d002776 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d006526 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d010218 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d010840 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d016052 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d016586 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d025566 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d029383 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d037749 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d038229 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d039567 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d045311 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d045480 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d048335 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d049096 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d052390 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 7 |
| Zm00001d002035 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d003064 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d003301 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d003508 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d007050 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d008340 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d010175 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 6 |
| Zm00001d010828 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d011426 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d011638 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d011843 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d016616 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d016942 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d016950 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d017420 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d017983 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 6 |
| Zm00001d018342 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d018681 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d020702 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d021929 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d021949 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 6 |
| Zm00001d024996 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d025281 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d025864 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d028987 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d029356 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 6 |
| Zm00001d030544 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d031778 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d033395 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d033503 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d038874 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d039384 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d040047 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d040094 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d041327 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042056 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042244 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042664 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042756 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042933 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d042934 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 6 |
| Zm00001d043156 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d043512 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d043544 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |

Tabla A-IV (Continuación)

| Up-Up-Up | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d043651 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d043704 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d044027 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d044442 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d047554 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d048333 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d052060 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d052253 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d052795 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d053212 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 6 |
| Zm00001d000012 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d000018 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d004921 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d025025 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d026060 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d029359 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d032857 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d048111 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 6 |
| Zm00001d000434 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d001832 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d002020 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d002285 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d002847 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d003101 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d003334 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d003657 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d004664 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d004768 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d005888 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d008853 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d008923 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d009222 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d009365 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d010448 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d011315 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d011823 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d011839 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d012255 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d012322 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 5 |
| Zm00001d012427 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d012430 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d013003 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d013289 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d013445 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d014405 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d017014 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d017989 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d018159 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d019411 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d019726 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d020396 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d020714 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d021250 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d021959 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d024406 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d024664 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d024665 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d024752 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d024934 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d026703 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d027622 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d027900 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d028012 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d028347 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |

Tabla A-IV (Continuación)

| Up-Up-Up | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d029699 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d031724 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 5 |
| Zm00001d032868 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d033567 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d034508 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d035475 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d035603 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d035775 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d036402 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d036440 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d036532 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d037005 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d037857 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d038791 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d038870 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d038924 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d041580 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d041608 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d042781 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d043056 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 5 |
| Zm00001d043091 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d043220 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d044162 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d045102 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d045361 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d045884 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d046805 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d046981 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d047104 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d047202 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d048021 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d048281 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d048469 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d049381 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d049640 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d050803 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d050885 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d051695 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d052122 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d052779 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d007464 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d008548 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d009178 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d010579 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d011237 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d011347 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d013849 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d013907 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d016664 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d016928 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d018203 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d019457 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d020351 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d020953 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d021073 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d023941 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d025379 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d025707 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d028572 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d029582 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d031811 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d031813 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d032781 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d032854 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |

Tabla A-IV (Continuación)

| Up-Up-Up | NC292 | PA8637 | PHBB3 | PHHB9 | PHT10 | PHW52 | PHW79 | sum |
|----------------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| Zm00001d034803 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 5 |
| Zm00001d036164 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d039531 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d044147 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d046004 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 5 |
| Zm00001d049421 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d008985 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d015665 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d016287 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d018502 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d019306 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d021677 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d021753 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d025869 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d027947 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d027949 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d028004 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d028988 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d031815 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d032560 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d037689 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d038320 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d040067 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d040071 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d040670 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d044075 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d044662 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d048191 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d049704 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d050798 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d052053 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |
| Zm00001d052209 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 5 |

ANEXO 5

Tabla A-V Términos de enriquecimiento GO en cada momento, identificado en los genes consistentes *down regulated* durante la senescencia de líneas puras de maíz, usando la plataforma PlantRegMap

| 15 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
|---------------------------------|--|-----------|-------|----------|----------|----------|-----------------|--|
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0009638 | phototropism | 10 | 2 | 0,01 | 2,90E-05 | 1,38E-01 | P ^{1/} | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0010017 | red or far-red light signaling pathway | 27 | 2 | 0,02 | 0,00022 | 3,82E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0071489 | cellular response to red or far red light | 28 | 2 | 0,02 | 0,00024 | 3,82E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0009606 | tropism | 46 | 2 | 0,04 | 0,00065 | 5,72E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0009637 | response to blue light | 51 | 2 | 0,04 | 8,00E-04 | 5,72E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0071482 | cellular response to light stimulus | 65 | 2 | 0,05 | 0,0013 | 6,55E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0030001 | metal ion transport | 275 | 3 | 0,23 | 0,00137 | 6,55E-01 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502 |
| GO:0071478 | cellular response to radiation | 69 | 2 | 0,06 | 0,00147 | 6,55E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0006813 | potassium ion transport | 70 | 2 | 0,06 | 0,00151 | 6,55E-01 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0009642 | response to light intensity | 95 | 2 | 0,08 | 0,00276 | 7,65E-01 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G124532 |
| GO:0009639 | response to red or far red light | 100 | 2 | 0,08 | 0,00305 | 7,65E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0071214 | cellular response to abiotic stimulus | 102 | 2 | 0,09 | 0,00317 | 7,65E-01 | P | GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0009416 | response to light stimulus | 385 | 3 | 0,32 | 0,00358 | 7,65E-01 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0009314 | response to radiation | 399 | 3 | 0,33 | 0,00396 | 7,65E-01 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G012728, GRMZM2G124532 |
| GO:0006812 | cation transport | 492 | 3 | 0,41 | 0,0071 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502 |
| GO:0044765 | single-organism transport | 1622 | 5 | 1,36 | 0,00771 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502, GRMZM2G124532, GRMZM2G169951 |
| GO:1902578 | single-organism localization | 1650 | 5 | 1,38 | 0,00829 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502, GRMZM2G124532, GRMZM2G169951 |
| GO:0009628 | response to abiotic stimulus | 1067 | 4 | 0,89 | 0,00955 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G012728, GRMZM2G033208, GRMZM2G124532 |
| GO:0015979 | photosynthesis | 216 | 2 | 0,18 | 0,01354 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G033208, GRMZM2G124532 |
| GO:0098662 | inorganic cation transmembrane transport | 261 | 2 | 0,22 | 0,01937 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0015672 | monovalent inorganic cation transport | 264 | 2 | 0,22 | 0,0198 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0006811 | ion transport | 730 | 3 | 0,61 | 0,0207 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502 |
| GO:0098660 | inorganic ion transmembrane transport | 275 | 2 | 0,23 | 0,02137 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0098655 | cation transmembrane transport | 289 | 2 | 0,24 | 0,02345 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0006810 | transport | 2201 | 5 | 1,84 | 0,02713 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502, GRMZM2G124532, GRMZM2G169951 |
| GO:0051234 | establishment of localization | 2221 | 5 | 1,86 | 0,02812 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502, GRMZM2G124532, GRMZM2G169951 |
| GO:0051179 | localization | 2265 | 5 | 1,89 | 0,03039 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502, GRMZM2G124532, GRMZM2G169951 |
| GO:0034220 | ion transmembrane transport | 399 | 2 | 0,33 | 0,04249 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0044699 | single-organism process | 7726 | 10 | 6,46 | 0,0439 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G012728, GRMZM2G033208, GRMZM2G071401, GRMZM2G075502, GRMZM2G124532, GRMZM2G158729, GRMZM2G169951, GRMZM2G306345, GRMZM2G389379 |
| GO:0032787 | monocarboxylic acid metabolic process | 407 | 2 | 0,34 | 0,04405 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G124532, GRMZM2G306345 |
| GO:0055085 | transmembrane transport | 994 | 3 | 0,83 | 0,04599 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401, GRMZM2G169951 |
| GO:0009535 | chloroplast thylakoid membrane | 296 | 2 | 0,16 | 0,01 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0055035 | plastid thylakoid membrane | 298 | 2 | 0,16 | 0,011 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0042651 | thylakoid membrane | 339 | 2 | 0,18 | 0,014 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0034357 | photosynthetic membrane | 360 | 2 | 0,2 | 0,015 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0009534 | chloroplast thylakoid | 367 | 2 | 0,2 | 0,016 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0031976 | plastid thylakoid | 367 | 2 | 0,2 | 0,016 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0044436 | thylakoid part | 374 | 2 | 0,2 | 0,016 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0009579 | thylakoid | 468 | 2 | 0,25 | 0,025 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0031984 | organelle subcompartment | 542 | 2 | 0,3 | 0,033 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G009715, GRMZM2G033208 |
| GO:0042803 | protein homodimerization activity | 94 | 2 | 0,07 | 0,00201 | 7,85E-01 | F | GRMZM2G124532, GRMZM2G389379 |
| GO:0042802 | identical protein binding | 154 | 2 | 0,11 | 0,00529 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G124532, GRMZM2G389379 |
| GO:0015077 | monovalent inorganic cation transmembrane transporter activity | 228 | 2 | 0,16 | 0,01128 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |

Tabla A-V (Continuación)

| GO:0022890 | inorganic cation transmembrane transporter activity | 312 | 2 | 0,22 | 0,02043 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
|---------------------------------|---|-----------|-------|----------|----------|----------|--------|---|
| GO:0005509 | calcium ion binding | 338 | 2 | 0,24 | 0,02373 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G033208, GRMZM2G305115 |
| GO:0008324 | cation transmembrane transporter activity | 366 | 2 | 0,26 | 0,02751 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G009715, GRMZM2G071401 |
| GO:0046872 | metal ion binding | 3579 | 6 | 2,57 | 0,02969 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G033208, GRMZM2G075502, GRMZM2G174949, GRMZM2G305115, GRMZM2G331253, GRMZM2G361902 |
| GO:0043169 | cation binding | 3591 | 6 | 2,58 | 0,03015 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G033208, GRMZM2G075502, GRMZM2G174949, GRMZM2G305115, GRMZM2G331253, GRMZM2G361902 |
| 30 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0009570 | chloroplast stroma | 518 | 2 | 0,14 | 0,0071 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G093666, GRMZM2G168143 |
| GO:0009532 | plastid stroma | 533 | 2 | 0,15 | 0,0075 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G093666, GRMZM2G168143 |
| GO:0044434 | chloroplast part | 955 | 2 | 0,26 | 0,0232 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G093666, GRMZM2G168143 |
| GO:0044435 | plastid part | 972 | 2 | 0,26 | 0,024 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G093666, GRMZM2G168143 |
| 45 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0015979 | photosynthesis | 216 | 27 | 0,82 | 1,00E-30 | 4,77E-27 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G005984, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G306732, GRMZM2G419806, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0018298 | protein-chromophore linkage | 37 | 9 | 0,14 | 9,90E-15 | 2,36E-11 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268 |
| GO:0019684 | photosynthesis, light reaction | 104 | 11 | 0,39 | 1,50E-13 | 2,38E-10 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G005984, GRMZM2G025882, GRMZM2G038519, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G149428, GRMZM2G160268, GRMZM2G306732, GRMZM5G818058 |
| GO:0006091 | generation of precursor metabolites and energy | 323 | 14 | 1,23 | 1,20E-11 | 1,43E-08 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G005984, GRMZM2G025882, GRMZM2G038519, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G149428, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G306732, GRMZM5G818058 |
| GO:0009765 | photosynthesis, light harvesting | 18 | 6 | 0,07 | 4,10E-11 | 3,91E-08 | P | GRMZM2G025882, GRMZM2G038519, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G160268 |
| GO:0010206 | photosystem II repair | 10 | 3 | 0,04 | 6,10E-06 | 4,85E-03 | P | GRMZM2G025882, GRMZM2G056424, GRMZM2G071996 |
| GO:0015729 | oxaloacetate transport | 2 | 2 | 0,01 | 1,40E-05 | 8,35E-03 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0071423 | malate transmembrane transport | 2 | 2 | 0,01 | 1,40E-05 | 8,35E-03 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0030091 | protein repair | 16 | 3 | 0,06 | 2,80E-05 | 1,48E-02 | P | GRMZM2G025882, GRMZM2G056424, GRMZM2G071996 |
| GO:0019676 | ammonia assimilation cycle | 3 | 2 | 0,01 | 4,20E-05 | 2,00E-02 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0010207 | photosystem II assembly | 21 | 3 | 0,08 | 6,60E-05 | 2,86E-02 | P | GRMZM2G005984, GRMZM2G056424, GRMZM2G149428 |
| GO:0010196 | nonphotochemical quenching | 6 | 2 | 0,02 | 0,00021 | 7,70E-02 | P | GRMZM2G039996, GRMZM2G149428 |
| GO:1990066 | energy quenching | 6 | 2 | 0,02 | 0,00021 | 7,70E-02 | P | GRMZM2G039996, GRMZM2G149428 |
| GO:0009768 | photosynthesis, light harvesting in photosystem I | 7 | 2 | 0,03 | 0,00029 | 9,88E-02 | P | GRMZM2G038519, GRMZM2G160268 |
| GO:0009642 | response to light intensity | 95 | 4 | 0,36 | 0,00046 | 1,46E-01 | P | GRMZM2G038519, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G160268 |
| GO:0009416 | response to light stimulus | 385 | 7 | 1,46 | 0,00061 | 1,74E-01 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G149428, GRMZM2G160268 |
| GO:0055114 | oxidation-reduction process | 1936 | 17 | 7,35 | 0,00062 | 1,74E-01 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G006791, GRMZM2G022547, GRMZM2G034471, GRMZM2G048121, GRMZM2G063756, GRMZM2G073351, GRMZM2G081462, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G150363, GRMZM2G156227, GRMZM2G172491, GRMZM2G306732, GRMZM5G818058, GRMZM5G864903, GRMZM5G892308 |
| GO:0009314 | response to radiation | 399 | 7 | 1,51 | 0,00075 | 1,91E-01 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G149428, GRMZM2G160268 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|---|-------|----|-------|---------|----------|---|---|
| GO:0008152 | metabolic process | 11940 | 55 | 45,3 | 0,00081 | 1,91E-01 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G005260, GRMZM2G005984, GRMZM2G006791, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G022547, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G034471, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G048121, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G063756, GRMZM2G068510, GRMZM2G069569, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G073351, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G081719, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G089136, GRMZM2G092427, GRMZM2G092595, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172491, GRMZM2G172723, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058, GRMZM5G853392, GRMZM5G864903, GRMZM5G892308 |
| GO:0044724 | single-organism carbohydrate catabolic process | 111 | 4 | 0,42 | 0,00083 | 1,91E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253, GRMZM2G306732 |
| GO:0009644 | response to high light intensity | 49 | 3 | 0,19 | 0,00084 | 1,91E-01 | P | GRMZM2G038519, GRMZM2G057281, GRMZM2G160268 |
| GO:0015743 | malate transport | 12 | 2 | 0,05 | 0,00091 | 1,97E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0009767 | photosynthetic electron transport chain | 53 | 3 | 0,2 | 0,00106 | 2,13E-01 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G306732, GRMZM5G818058 |
| GO:0009645 | response to low light intensity stimulus | 13 | 2 | 0,05 | 0,00107 | 2,13E-01 | P | GRMZM2G038519, GRMZM2G160268 |
| GO:0015740 | C4-dicarboxylate transport | 14 | 2 | 0,05 | 0,00125 | 2,38E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0009773 | photosynthetic electron transport in photosystem I | 15 | 2 | 0,06 | 0,00144 | 2,64E-01 | P | GRMZM2G306732, GRMZM5G818058 |
| GO:0006536 | glutamate metabolic process | 16 | 2 | 0,06 | 0,00164 | 2,79E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0006814 | sodium ion transport | 16 | 2 | 0,06 | 0,00164 | 2,79E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0009735 | response to cytokinin | 140 | 4 | 0,53 | 0,00195 | 3,21E-01 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G306732, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM2G001653, GRMZM2G006791, GRMZM2G008263, GRMZM2G022547, GRMZM2G034471, GRMZM2G040933, GRMZM2G048121, GRMZM2G063756, GRMZM2G069569, GRMZM2G073351, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G092595, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G142873, GRMZM2G150363, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G172491, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM5G818058, GRMZM5G864903, GRMZM5G892308 |
| GO:0044710 | single-organism metabolic process | 4290 | 27 | 16,28 | 0,00211 | 3,35E-01 | P | GRMZM2G057281, GRMZM2G092595, GRMZM2G121878 |
| GO:0010118 | stomatal movement | 70 | 3 | 0,27 | 0,00237 | 3,65E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0006835 | dicarboxylic acid transport | 20 | 2 | 0,08 | 0,00257 | 3,69E-01 | P | GRMZM2G006791, GRMZM2G015967, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G083016, GRMZM2G121878, GRMZM2G149428, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G800723, GRMZM5G818058, GRMZM5G881803 |
| GO:0050896 | response to stimulus | 3255 | 22 | 12,35 | 0,00286 | 3,69E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0006541 | glutamine metabolic process | 22 | 2 | 0,08 | 0,00311 | 3,69E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0006096 | glycolytic process | 88 | 3 | 0,33 | 0,00453 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0006757 | ATP generation from ADP | 88 | 3 | 0,33 | 0,00453 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0046031 | ADP metabolic process | 88 | 3 | 0,33 | 0,00453 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G149428 |
| GO:0010218 | response to far red light | 27 | 2 | 0,1 | 0,00467 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009135 | purine nucleoside diphosphate metabolic process | 90 | 3 | 0,34 | 0,00482 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009179 | purine ribonucleoside diphosphate metabolic process | 90 | 3 | 0,34 | 0,00482 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009185 | ribonucleoside diphosphate metabolic process | 90 | 3 | 0,34 | 0,00482 | 4,11E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0010114 | response to red light | 29 | 2 | 0,11 | 0,00538 | 4,50E-01 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G149428 |
| GO:0015995 | chlorophyll biosynthetic process | 30 | 2 | 0,11 | 0,00575 | 4,73E-01 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|--|------|----|-------|---------|----------|---|--|
| GO:0006165 | nucleoside diphosphate phosphorylation | 97 | 3 | 0,37 | 0,00594 | 4,80E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0006090 | pyruvate metabolic process | 104 | 3 | 0,39 | 0,0072 | 5,66E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009132 | nucleoside diphosphate metabolic process | 106 | 3 | 0,4 | 0,00759 | 5,66E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009624 | response to nematode | 39 | 2 | 0,15 | 0,00958 | 7,03E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0016052 | carbohydrate catabolic process | 221 | 4 | 0,84 | 0,00982 | 7,06E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253, GRMZM2G306732, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253, GRMZM2G419806 |
| GO:0051186 | cofactor metabolic process | 347 | 5 | 1,32 | 0,01005 | 7,06E-01 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:1903825 | organic acid transmembrane transport | 40 | 2 | 0,15 | 0,01006 | 7,06E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0046939 | nucleotide phosphorylation | 119 | 3 | 0,45 | 0,0104 | 7,19E-01 | P | GRMZM2G057281, GRMZM2G121878 |
| GO:0010119 | regulation of stomatal movement | 43 | 2 | 0,16 | 0,01156 | 7,50E-01 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G306732, GRMZM5G818058 |
| GO:0022900 | electron transport chain | 124 | 3 | 0,47 | 0,01163 | 7,50E-01 | P | GRMZM2G069569, GRMZM2G127067 |
| GO:0046165 | alcohol biosynthetic process | 48 | 2 | 0,18 | 0,01427 | 9,07E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0046496 | nicotinamide nucleotide metabolic process | 136 | 3 | 0,52 | 0,01489 | 9,28E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0019362 | pyridine nucleotide metabolic process | 137 | 3 | 0,52 | 0,01518 | 9,28E-01 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G149428 |
| GO:0009637 | response to blue light | 51 | 2 | 0,19 | 0,01602 | 9,55E-01 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |
| GO:0015994 | chlorophyll metabolic process | 51 | 2 | 0,19 | 0,01602 | 9,55E-01 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0072524 | pyridine-containing compound metabolic process | 145 | 3 | 0,55 | 0,01765 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |
| GO:0006779 | porphyrin-containing compound biosynthetic process | 55 | 2 | 0,21 | 0,01847 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0009064 | glutamine family amino acid metabolic process | 55 | 2 | 0,21 | 0,01847 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0006733 | oxidoreduction coenzyme metabolic process | 152 | 3 | 0,58 | 0,01997 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |
| GO:0033014 | tetrapyrrole biosynthetic process | 63 | 2 | 0,24 | 0,02383 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G005984, GRMZM2G056424, GRMZM2G149428 |
| GO:0043623 | cellular protein complex assembly | 165 | 3 | 0,63 | 0,02472 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G015967, GRMZM2G132811 |
| GO:0000413 | protein peptidyl-prolyl isomerization | 69 | 2 | 0,26 | 0,02822 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0043648 | dicarboxylic acid metabolic process | 70 | 2 | 0,27 | 0,02898 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G015967, GRMZM2G132811 |
| GO:0018208 | peptidyl-proline modification | 71 | 2 | 0,27 | 0,02975 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0046034 | ATP metabolic process | 185 | 3 | 0,7 | 0,03312 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G069569, GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253, GRMZM2G306732 |
| GO:0044712 | single-organism catabolic process | 479 | 5 | 1,82 | 0,03487 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G015967, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G383088, GRMZM5G881803 |
| GO:0009607 | response to biotic stimulus | 482 | 5 | 1,83 | 0,03567 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0015849 | organic acid transport | 79 | 2 | 0,3 | 0,03618 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0046942 | carboxylic acid transport | 79 | 2 | 0,3 | 0,03618 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |
| GO:0006778 | porphyrin-containing compound metabolic process | 80 | 2 | 0,3 | 0,03702 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G001653, GRMZM2G005984, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G089136, GRMZM2G092427, GRMZM2G092595, GRMZM2G127067, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058, GRMZM5G853392 |
| GO:0044237 | cellular metabolic process | 8634 | 40 | 32,76 | 0,03705 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009144 | purine nucleoside triphosphate metabolic process | 194 | 3 | 0,74 | 0,03733 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009205 | purine ribonucleoside triphosphate metabolic process | 194 | 3 | 0,74 | 0,03733 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G069569, GRMZM2G127067 |
| GO:1901617 | organic hydroxy compound biosynthetic process | 82 | 2 | 0,31 | 0,03872 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G057281, GRMZM2G155253, GRMZM2G306732, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009725 | response to hormone | 850 | 7 | 3,22 | 0,04104 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G033885, GRMZM2G057281, GRMZM2G121878, GRMZM2G155253, GRMZM2G306732, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0010033 | response to organic substance | 1038 | 8 | 3,94 | 0,0413 | 1,00E+00 | P | |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|---|-----|----|------|----------|----------|---|---|
| GO:0009199 | ribonucleoside triphosphate metabolic process | 203 | 3 | 0,77 | 0,0418 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0033013 | tetrapyrrole metabolic process | 87 | 2 | 0,33 | 0,0431 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |
| GO:0046148 | pigment biosynthetic process | 87 | 2 | 0,33 | 0,0431 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G081462, GRMZM2G419806 |
| GO:0009141 | nucleoside triphosphate metabolic process | 206 | 3 | 0,78 | 0,04335 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009126 | purine nucleoside monophosphate metabolic process | 208 | 3 | 0,79 | 0,04439 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009167 | purine ribonucleoside monophosphate metabolic process | 208 | 3 | 0,79 | 0,04439 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0098656 | anion transmembrane transport | 90 | 2 | 0,34 | 0,04581 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G149428, GRMZM2G160268, GRMZM2G306732 |
| GO:0009161 | ribonucleoside monophosphate metabolic process | 217 | 3 | 0,82 | 0,04926 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136, GRMZM2G155253 |
| GO:0009579 | thylakoid | 468 | 33 | 1,91 | 1,00E-30 | 6,95E-28 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G383088, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0034357 | photosynthetic membrane | 360 | 28 | 1,47 | 1,40E-29 | 4,17E-27 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009534 | chloroplast thylakoid | 367 | 28 | 1,5 | 2,40E-29 | 4,17E-27 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G383088, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0031976 | plastid thylakoid | 367 | 28 | 1,5 | 2,40E-29 | 4,17E-27 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G383088, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0044436 | thylakoid part | 374 | 28 | 1,53 | 4,20E-29 | 5,84E-27 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|--------------------------------|-----|----|------|----------|----------|---|--|
| GO:0042651 | thylakoid membrane | 339 | 27 | 1,38 | 1,00E-28 | 1,16E-26 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009521 | photosystem | 110 | 20 | 0,45 | 1,60E-28 | 1,59E-26 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0044434 | chloroplast part | 955 | 36 | 3,9 | 7,90E-28 | 6,86E-26 | C | GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0044435 | plastid part | 972 | 36 | 3,97 | 1,50E-27 | 1,16E-25 | C | GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009535 | chloroplast thylakoid membrane | 296 | 25 | 1,21 | 4,00E-27 | 2,78E-25 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0055035 | plastid thylakoid membrane | 298 | 25 | 1,22 | 4,80E-27 | 3,03E-25 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|-----------------------------|------|----|------|----------|----------|---|---|
| GO:0031984 | organelle subcompartment | 542 | 28 | 2,21 | 1,30E-24 | 7,53E-23 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G383088, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009522 | photosystem I | 56 | 15 | 0,23 | 3,20E-24 | 1,71E-22 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G017290, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009507 | chloroplast | 1592 | 39 | 6,5 | 1,20E-23 | 5,96E-22 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009536 | plastid | 1669 | 39 | 6,82 | 7,00E-23 | 3,24E-21 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009523 | photosystem II | 81 | 14 | 0,33 | 1,00E-19 | 4,34E-18 | C | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888 |
| GO:0098796 | membrane protein complex | 407 | 20 | 1,66 | 6,80E-17 | 2,78E-15 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009543 | chloroplast thylakoid lumen | 38 | 8 | 0,16 | 2,10E-12 | 7,68E-11 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G080107, GRMZM2G156227, GRMZM2G172723 |
| GO:0031978 | plastid thylakoid lumen | 38 | 8 | 0,16 | 2,10E-12 | 7,68E-11 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G080107, GRMZM2G156227, GRMZM2G172723 |
| GO:0010287 | plastoglobule | 67 | 9 | 0,27 | 6,00E-12 | 2,09E-10 | C | GRMZM2G017290, GRMZM2G039996, GRMZM2G085646, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G451224 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|--|------|----|-------|----------|----------|---|--|
| GO:0009526 | plastid envelope | 424 | 16 | 1,73 | 8,20E-12 | 2,71E-10 | C | GRMZM2G017290, GRMZM2G033885, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G079759, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM5G818058 |
| GO:0044446 | intracellular organelle part | 2917 | 36 | 11,92 | 9,90E-12 | 3,02E-10 | C | GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0044422 | organelle part | 2920 | 36 | 11,93 | 1,00E-11 | 3,02E-10 | C | GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0031977 | thylakoid lumen | 50 | 8 | 0,2 | 2,20E-11 | 6,37E-10 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G080107, GRMZM2G156227, GRMZM2G172723 |
| GO:0009532 | plastid stroma | 533 | 17 | 2,18 | 2,30E-11 | 6,39E-10 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G071996, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009941 | chloroplast envelope | 408 | 15 | 1,67 | 5,90E-11 | 1,58E-09 | C | GRMZM2G017290, GRMZM2G033885, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G079759, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G383088, GRMZM5G818058 |
| GO:0009570 | chloroplast stroma | 518 | 16 | 2,12 | 1,60E-10 | 4,12E-09 | C | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G071996, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224 |
| GO:0098807 | chloroplast thylakoid membrane protein complex | 7 | 4 | 0,03 | 8,70E-09 | 2,16E-07 | C | GRMZM2G033885, GRMZM2G080107, GRMZM2G149428, GRMZM5G818058 |
| GO:0031967 | organelle envelope | 690 | 16 | 2,82 | 1,00E-08 | 2,40E-07 | C | GRMZM2G017290, GRMZM2G033885, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G079759, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM5G818058 |
| GO:0031975 | envelope | 694 | 16 | 2,83 | 1,10E-08 | 2,55E-07 | C | GRMZM2G017290, GRMZM2G033885, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G079759, GRMZM2G081462, GRMZM2G085646, GRMZM2G121878, GRMZM2G142873, GRMZM2G155253, GRMZM2G160268, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM5G818058 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|--|------|----|-------|----------|----------|---|---|
| GO:0043234 | protein complex | 1303 | 20 | 5,32 | 1,00E-07 | 2,24E-06 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009654 | photosystem II oxygen evolving complex | 33 | 5 | 0,13 | 2,10E-07 | 4,56E-06 | C | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G047954, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888 |
| GO:0044444 | cytoplasmic part | 5088 | 39 | 20,78 | 1,50E-06 | 3,16E-05 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0019898 | extrinsic component of membrane | 50 | 5 | 0,2 | 1,80E-06 | 3,68E-05 | C | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G047954, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888 |
| GO:0009538 | photosystem I reaction center | 9 | 3 | 0,04 | 5,30E-06 | 1,05E-04 | C | GRMZM2G017290, GRMZM2G085646, GRMZM2G451224 |
| GO:0016020 | membrane | 8115 | 49 | 33,15 | 1,50E-05 | 2,90E-04 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G006363, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G022547, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G034471, GRMZM2G035790, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G068510, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G104783, GRMZM2G121878, GRMZM2G127067, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172491, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G339866, GRMZM2G344205, GRMZM2G383088, GRMZM2G420684, GRMZM2G441888, GRMZM2G444029, GRMZM2G451224, GRMZM5G800723, GRMZM5G818058, GRMZM5G864903, GRMZM5G881803 |
| GO:0005737 | cytoplasm | 5580 | 39 | 22,79 | 2,00E-05 | 3,76E-04 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:0009503 | thylakoid light-harvesting complex | 3 | 2 | 0,01 | 4,90E-05 | 8,73E-04 | C | GRMZM2G033885, GRMZM2G149428 |
| GO:0030076 | light-harvesting complex | 3 | 2 | 0,01 | 4,90E-05 | 8,73E-04 | C | GRMZM2G033885, GRMZM2G149428 |
| GO:0030093 | chloroplast photosystem I | 4 | 2 | 0,02 | 9,80E-05 | 1,68E-03 | C | GRMZM2G080107, GRMZM5G818058 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|--|------|----|-------|----------|----------|---|--|
| GO:0032991 | macromolecular complex | 2033 | 20 | 8,3 | 9,90E-05 | 1,68E-03 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G080107, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058 |
| GO:1990204 | oxidoreductase complex | 124 | 5 | 0,51 | 0,00015 | 2,48E-03 | C | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G047954, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888 |
| GO:0043231 | intracellular membrane-bounded organelle | 6349 | 40 | 25,93 | 0,00021 | 3,32E-03 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058, GRMZM5G853392 |
| GO:0043227 | membrane-bounded organelle | 6351 | 40 | 25,94 | 0,00021 | 3,32E-03 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058, GRMZM5G853392 |
| GO:0044425 | membrane part | 6895 | 40 | 28,16 | 0,00159 | 2,46E-02 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G006363, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G022547, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G034471, GRMZM2G035790, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G068510, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268, GRMZM2G172491, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G339866, GRMZM2G344205, GRMZM2G383088, GRMZM2G420684, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G800723, GRMZM5G818058, GRMZM5G864903, GRMZM5G881803 |
| GO:0043229 | intracellular organelle | 7014 | 40 | 28,65 | 0,00237 | 3,55E-02 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058, GRMZM5G853392 |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|----------------------------|------|----|-------|---------|----------|---|-------------------------------|
| GO:0043226 | organelle | 7018 | 40 | 28,67 | 0,0024 | 3,55E-02 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, |
| | | | | | | | | GRMZM2G015967, GRMZM2G017290, |
| | | | | | | | | GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, |
| | | | | | | | | GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, |
| | | | | | | | | GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, |
| | | | | | | | | GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, |
| | | | | | | | | GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, |
| | | | | | | | | GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, |
| | | | | | | | | GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, |
| | | | | | | | | GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, |
| GO:0005623 | cell | 9301 | 48 | 37,99 | 0,00404 | 5,79E-02 | C | GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, |
| | | | | | | | | GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, |
| | | | | | | | | GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, |
| | | | | | | | | GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, |
| | | | | | | | | GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, |
| | | | | | | | | GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, |
| | | | | | | | | GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, |
| | | | | | | | | GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, |
| | | | | | | | | GRMZM2G419806, GRMZM2G451224, |
| | | | | | | | | GRMZM5G818058, GRMZM5G853392 |
| GO:0044464 | cell part | 9180 | 47 | 37,5 | 0,00652 | 9,06E-02 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, |
| | | | | | | | | GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, |
| | | | | | | | | GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, |
| | | | | | | | | GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, |
| | | | | | | | | GRMZM2G035790, GRMZM2G038519, |
| | | | | | | | | GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, |
| | | | | | | | | GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, |
| | | | | | | | | GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, |
| | | | | | | | | GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, |
| | | | | | | | | GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, |
| GO:0005622 | intracellular | 8394 | 44 | 34,29 | 0,00699 | 9,53E-02 | C | GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, |
| | | | | | | | | GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, |
| | | | | | | | | GRMZM2G092427, GRMZM2G117603, |
| | | | | | | | | GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, |
| | | | | | | | | GRMZM2G142873, GRMZM2G144346, |
| | | | | | | | | GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, |
| | | | | | | | | GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, |
| | | | | | | | | GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, |
| | | | | | | | | GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, |
| | | | | | | | | GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, |
| GO:0048046 | apoplast | 201 | 4 | 0,82 | 0,00913 | 1,20E-01 | C | GRMZM2G419806, GRMZM2G441888, |
| | | | | | | | | GRMZM2G444029, GRMZM2G451224, |
| | | | | | | | | GRMZM5G818058, GRMZM5G853392, |
| | | | | | | | | GRMZM5G881803, GRMZM5G892308 |
| | | | | | | | | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, |
| | | | | | | | | GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, |
| | | | | | | | | GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, |
| | | | | | | | | GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, |
| | | | | | | | | GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, |
| | | | | | | | | GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, |
| GO:0009706 | chloroplast inner membrane | 38 | 2 | 0,16 | 0,0105 | 1,35E-01 | C | GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, |
| | | | | | | | | GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, |
| | | | | | | | | GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, |
| | | | | | | | | GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, |
| | | | | | | | | GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, |
| | | | | | | | | GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, |
| | | | | | | | | GRMZM2G117603, GRMZM2G121878, |
| | | | | | | | | GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, |
| | | | | | | | | GRMZM2G144346, GRMZM2G149428, |
| | | | | | | | | GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, |

Tabla A-V (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|---|------|----|-------|----------|----------|---|--|
| GO:004424 | intracellular part | 8058 | 42 | 32,91 | 0,01184 | 1,50E-01 | C | GRMZM2G001653, GRMZM2G008263, GRMZM2G015967, GRMZM2G016677, GRMZM2G017290, GRMZM2G021617, GRMZM2G025882, GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G040933, GRMZM2G047954, GRMZM2G056424, GRMZM2G057281, GRMZM2G069569, GRMZM2G070847, GRMZM2G071996, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G080107, GRMZM2G081462, GRMZM2G083016, GRMZM2G085646, GRMZM2G092427, GRMZM2G121878, GRMZM2G132811, GRMZM2G142873, GRMZM2G149428, GRMZM2G150363, GRMZM2G155216, GRMZM2G155253, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172723, GRMZM2G177508, GRMZM2G306732, GRMZM2G383088, GRMZM2G419806, GRMZM2G441888, GRMZM2G451224, GRMZM5G818058, GRMZM5G853392 |
| GO:0009528 | plastid inner membrane | 41 | 2 | 0,17 | 0,01215 | 1,51E-01 | C | GRMZM2G081462, GRMZM2G142873 |
| GO:1902494 | catalytic complex | 369 | 5 | 1,51 | 0,0172 | 2,06E-01 | C | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G047954, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888 |
| GO:0031969 | chloroplast membrane | 72 | 2 | 0,29 | 0,03493 | 3,92E-01 | C | GRMZM2G081462, GRMZM2G142873 |
| GO:0042170 | plastid membrane | 76 | 2 | 0,31 | 0,03855 | 4,25E-01 | C | GRMZM2G081462, GRMZM2G142873 |
| GO:0016168 | chlorophyll binding | 34 | 9 | 0,1 | 3,30E-16 | 7,73E-13 | F | GRMZM2G033885, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G057281, GRMZM2G072280, GRMZM2G092427, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G160268 |
| GO:0046906 | tetrapyrrole binding | 557 | 16 | 1,6 | 2,30E-12 | 2,69E-09 | F | GRMZM2G006791, GRMZM2G033885, GRMZM2G034471, GRMZM2G038519, GRMZM2G039996, GRMZM2G057281, GRMZM2G063756, GRMZM2G072280, GRMZM2G092427, GRMZM2G104783, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G156227, GRMZM2G160268, GRMZM2G172491, GRMZM5G864903 |
| GO:0015131 | oxaloacetate transmembrane transporter activity | 2 | 2 | 0,01 | 8,10E-06 | 6,32E-03 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0004497 | monooxygenase activity | 298 | 7 | 0,86 | 2,20E-05 | 1,12E-02 | F | GRMZM2G034471, GRMZM2G063756, GRMZM2G081462, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G172491, GRMZM5G864903 |
| GO:0015140 | malate transmembrane transporter activity | 3 | 2 | 0,01 | 2,40E-05 | 1,12E-02 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0015556 | C4-dicarboxylate transmembrane transporter activity | 4 | 2 | 0,01 | 4,80E-05 | 1,87E-02 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0016491 | oxidoreductase activity | 1790 | 15 | 5,14 | 0,00011 | 3,12E-02 | F | GRMZM2G006791, GRMZM2G022547, GRMZM2G034471, GRMZM2G048121, GRMZM2G063756, GRMZM2G069569, GRMZM2G073351, GRMZM2G081462, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G150363, GRMZM2G156227, GRMZM2G172491, GRMZM5G864903, GRMZM5G892308 |
| GO:0004618 | phosphoglycerate kinase activity | 6 | 2 | 0,02 | 0,00012 | 3,12E-02 | F | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136 |
| GO:0016705 | oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen | 392 | 7 | 1,12 | 0,00012 | 3,12E-02 | F | GRMZM2G034471, GRMZM2G063756, GRMZM2G081462, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G172491, GRMZM5G864903 |
| GO:0005506 | iron ion binding | 415 | 7 | 1,19 | 0,00018 | 4,10E-02 | F | GRMZM2G034471, GRMZM2G063756, GRMZM2G079759, GRMZM2G104783, GRMZM2G127067, GRMZM2G172491, GRMZM5G864903 |
| GO:0046872 | metal ion binding | 3579 | 22 | 10,27 | 2,00E-04 | 4,10E-02 | F | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G022547, GRMZM2G033885, GRMZM2G034471, GRMZM2G038519, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G063756, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G081462, GRMZM2G104783, GRMZM2G121878, GRMZM2G127067, GRMZM2G144346, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G172491, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM5G864903 |
| GO:0043169 | cation binding | 3591 | 22 | 10,31 | 0,00021 | 4,10E-02 | F | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G022547, GRMZM2G033885, GRMZM2G034471, GRMZM2G038519, GRMZM2G047954, GRMZM2G057281, GRMZM2G063756, GRMZM2G072280, GRMZM2G079759, GRMZM2G081462, GRMZM2G104783, GRMZM2G121878, GRMZM2G127067, GRMZM2G144346, GRMZM2G149428, GRMZM2G155216, GRMZM2G172491, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM5G864903 |
| GO:0005310 | dicarboxylic acid transmembrane transporter activity | 9 | 2 | 0,03 | 0,00029 | 5,22E-02 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |

Tabla A-V (Continuación)

| GO:0005509 | calcium ion binding | 338 | 6 | 0,97 | 4,00E-04 | 6,69E-02 | F | GRMZM2G016677, GRMZM2G021617, GRMZM2G022547, GRMZM2G047954, GRMZM2G172723, GRMZM2G441888, GRMZM2G006791, GRMZM2G034471, GRMZM2G063756, GRMZM2G104783, GRMZM2G156227, GRMZM2G172491, GRMZM5G864903 |
|---------------------------------|--|-----------|-------|----------|----------|----------|--------|---|
| GO:0020037 | heme binding | 521 | 7 | 1,5 | 0,00069 | 1,08E-01 | F | GRMZM2G083016, GRMZM2G089136 |
| GO:0016774 | phosphotransferase activity, carboxyl group as acceptor | 18 | 2 | 0,05 | 0,0012 | 1,76E-01 | F | GRMZM2G069569, GRMZM2G073351 |
| GO:0016628 | oxidoreductase activity, acting on the CH-CH group of donors, NAD or NADP as acceptor | 28 | 2 | 0,08 | 0,00291 | 3,41E-01 | F | GRMZM2G081462, GRMZM2G127067 |
| GO:0016709 | oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, NAD(P)H as one donor, and incorporation of one atom of oxygen | 44 | 2 | 0,13 | 0,00708 | 6,38E-01 | F | GRMZM2G035790, GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0008509 | anion transmembrane transporter activity | 142 | 3 | 0,41 | 0,00789 | 6,49E-01 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0005342 | organic acid transmembrane transporter activity | 55 | 2 | 0,16 | 0,0109 | 7,65E-01 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0046943 | carboxylic acid transmembrane transporter activity | 55 | 2 | 0,16 | 0,0109 | 7,65E-01 | F | GRMZM2G015967, GRMZM2G132811 |
| GO:0003755 | peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity | 68 | 2 | 0,2 | 0,01633 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G015967, GRMZM2G132811 |
| GO:0016859 | cis-trans isomerase activity | 70 | 2 | 0,2 | 0,01724 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G069569, GRMZM2G073351 |
| GO:0016627 | oxidoreductase activity, acting on the CH-CH group of donors | 72 | 2 | 0,21 | 0,01819 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G006791, GRMZM2G022547, GRMZM2G156227 |
| GO:0004601 | peroxidase activity | 200 | 3 | 0,57 | 0,01975 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G040933, GRMZM2G383088 |
| GO:0016684 | oxidoreductase activity, acting on peroxide as acceptor | 204 | 3 | 0,59 | 0,0208 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G080107, GRMZM5G881803 |
| GO:0008514 | organic anion transmembrane transporter activity | 78 | 2 | 0,22 | 0,02113 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G006791, GRMZM2G022547, GRMZM2G156227 |
| GO:0005516 | calmodulin binding | 82 | 2 | 0,24 | 0,0232 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G069569, GRMZM2G073351 |
| GO:0016209 | antioxidant activity | 234 | 3 | 0,67 | 0,02963 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G065203, GRMZM2G069095, GRMZM2G070508, GRMZM2G099678, GRMZM2G113332, GRMZM2G374302, GRMZM2G457898 |
| 60 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0044699 | single-organism process | 7726 | 7 | 3,48 | 0,0075 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G065203, GRMZM2G069095, GRMZM2G070508, GRMZM2G099678, GRMZM2G113332, GRMZM2G374302, GRMZM2G457898 |
| GO:0006812 | cation transport | 492 | 2 | 0,22 | 0,0189 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G069095, GRMZM2G113332 |
| GO:0065008 | regulation of biological quality | 571 | 2 | 0,26 | 0,025 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G069095, GRMZM2G457898 |
| GO:0006811 | ion transport | 730 | 2 | 0,33 | 0,0395 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G069095, GRMZM2G113332 |
| GO:0098588 | bounding membrane of organelle | 663 | 2 | 0,27 | 0,027 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G069095, GRMZM2G171406 |
| GO:0031090 | organelle membrane | 862 | 2 | 0,35 | 0,0441 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G069095, GRMZM2G171406 |
| GO:0003824 | catalytic activity | 9657 | 7 | 3,96 | 0,03295 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G065203, GRMZM2G069095, GRMZM2G070508, GRMZM2G099678, GRMZM2G349839, GRMZM2G374302, GRMZM2G457898 |
| 75 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| Ko00196 | Photosynthesis - antenna proteins | | | | | | P | GRMZM2G120619 |
| | light-harvesting complex, Chlorophyll a-b binding protein 2 | | | | | | C | GRMZM2G429955 |

1/ P = Biological process
F = Molecular function
P = Cellular component

ANEXO 6

Tabla A-VI Términos de enriquecimiento GO en cada momento, identificado en los genes consistentes *up regulated* durante la senescencia de líneas puras de maíz, usando la plataforma PlantRegMap

| 15 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
|---------------------------------|---|-----------|-------|----------|---------|----------|--------|---|
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0071702 | organic substance transport | 683 | 3 | 0,66 | 0,02586 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G132531, GRMZM2G151050, GRMZM2G172647 |
| GO:0005976 | polysaccharide metabolic process | 338 | 2 | 0,33 | 0,04104 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G103055, GRMZM2G328500 |
| GO:0044431 | Golgi apparatus part | 276 | 2 | 0,24 | 0,024 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G166903, GRMZM2G172647 |
| GO:0004674 | protein serine/threonine kinase activity | 842 | 4 | 0,86 | 0,0096 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G047588, GRMZM2G061447, GRMZM2G155836, GRMZM2G368388 |
| GO:0008289 | lipid binding | 159 | 2 | 0,16 | 0,0114 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G132531, GRMZM2G133943 |
| GO:0008194 | UDP-glycosyltransferase activity | 193 | 2 | 0,2 | 0,0164 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G161335, GRMZM2G166903 |
| GO:0043167 | ion binding | 6736 | 12 | 6,9 | 0,0174 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G047588, GRMZM2G061447, GRMZM2G103055, GRMZM2G132531, GRMZM2G133943, GRMZM2G152929, GRMZM2G155836, GRMZM2G168890, GRMZM2G175000, GRMZM2G303431, GRMZM2G368388, GRMZM2G377904 |
| GO:0042578 | phosphoric ester hydrolase activity | 293 | 2 | 0,3 | 0,0357 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G133943, GRMZM2G377904 |
| 30 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0071704 | organic substance metabolic process | 9451 | 8 | 4,86 | 0,0186 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G020002, GRMZM2G032852, GRMZM2G037998, GRMZM2G100727, GRMZM2G102933, GRMZM2G147884, GRMZM2G173928, GRMZM2G340065 |
| GO:0019538 | protein metabolic process | 4024 | 5 | 2,07 | 0,0315 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G032852, GRMZM2G037998, GRMZM2G102933, GRMZM2G173928, GRMZM2G340065 |
| GO:0005794 | Golgi apparatus | 536 | 2 | 0,33 | 0,04 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G020002, GRMZM2G037998 |
| GO:0005576 | extracellular region | 572 | 2 | 0,35 | 0,045 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G071390, GRMZM2G093606 |
| GO:0030145 | manganese ion binding | 75 | 2 | 0,05 | 0,00111 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G071390, GRMZM2G093606 |
| GO:0045735 | nutrient reservoir activity | 93 | 2 | 0,06 | 0,00169 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G071390, GRMZM2G093606 |
| GO:0046914 | transition metal ion binding | 2016 | 4 | 1,34 | 0,0379 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G071390, GRMZM2G093606, GRMZM2G138997, GRMZM2G147884 |
| GO:0016758 | transferase activity, transferring hexosyl groups | 473 | 2 | 0,32 | 0,03833 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G037998, GRMZM2G103805 |
| 45 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0031667 | response to nutrient levels | 92 | 4 | 0,39 | 0,00062 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G013236, GRMZM2G033644, GRMZM2G127350 |
| GO:0006561 | proline biosynthetic process | 11 | 2 | 0,05 | 0,00095 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G072029, GRMZM2G375504 |
| GO:0009991 | response to extracellular stimulus | 108 | 4 | 0,46 | 0,00114 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G013236, GRMZM2G033644, GRMZM2G127350 |
| GO:0006560 | proline metabolic process | 14 | 2 | 0,06 | 0,00156 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G072029, GRMZM2G375504 |
| GO:0009064 | glutamine family amino acid metabolic process | 55 | 3 | 0,23 | 0,00164 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G072029, GRMZM2G124353, GRMZM2G375504 |
| GO:0043562 | cellular response to nitrogen levels | 15 | 2 | 0,06 | 0,0018 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G127350 |
| GO:0051187 | cofactor catabolic process | 21 | 2 | 0,09 | 0,00354 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G109070, GRMZM2G381051 |
| GO:0031669 | cellular response to nutrient levels | 77 | 3 | 0,33 | 0,00427 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G033644, GRMZM2G127350 |
| GO:0009605 | response to external stimulus | 627 | 8 | 2,66 | 0,00488 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G013236, GRMZM2G032602, GRMZM2G033644, GRMZM2G050234, GRMZM2G127350, GRMZM2G425798, GRMZM2G441541 |
| GO:0016054 | organic acid catabolic process | 82 | 3 | 0,35 | 0,00509 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G050234, GRMZM2G124353, GRMZM2G381051 |
| GO:0046395 | carboxylic acid catabolic process | 82 | 3 | 0,35 | 0,00509 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G050234, GRMZM2G124353, GRMZM2G381051 |
| GO:0009084 | glutamine family amino acid biosynthetic process | 28 | 2 | 0,12 | 0,00625 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G072029, GRMZM2G375504 |
| GO:0031668 | cellular response to extracellular stimulus | 92 | 3 | 0,39 | 0,00701 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G033644, GRMZM2G127350 |
| GO:0044765 | single-organism transport | 1622 | 14 | 6,88 | 0,00727 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G011098, GRMZM2G013236, GRMZM2G014089, GRMZM2G047299, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G086430, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G324903, GRMZM2G366977 |
| GO:0071496 | cellular response to external stimulus | 96 | 3 | 0,41 | 0,00788 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G033644, GRMZM2G127350 |
| GO:1902578 | single-organism localization | 1650 | 14 | 7 | 0,00843 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G011098, GRMZM2G013236, GRMZM2G014089, GRMZM2G047299, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G086430, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G324903, GRMZM2G366977 |

Tabla A-VI (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|---|------|----|-------|---------|----------|---|---|
| GO:0055085 | transmembrane transport | 994 | 10 | 4,22 | 0,00876 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G013236, GRMZM2G014089, GRMZM2G072029, GRMZM2G086430, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G366977 |
| GO:0006972 | hyperosmotic response | 37 | 2 | 0,16 | 0,01074 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G072029, GRMZM2G375504 |
| GO:0044282 | small molecule catabolic process | 113 | 3 | 0,48 | 0,01227 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G050234, GRMZM2G124353, GRMZM2G381051 |
| GO:1901565 | organonitrogen compound catabolic process | 118 | 3 | 0,5 | 0,01378 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G109070, GRMZM2G124353, GRMZM2G381051 |
| GO:0019439 | aromatic compound catabolic process | 121 | 3 | 0,51 | 0,01473 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G032977, GRMZM2G050234, GRMZM2G109070 |
| GO:1901606 | alpha-amino acid catabolic process | 46 | 2 | 0,2 | 0,01628 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G124353, GRMZM2G381051 |
| GO:1901361 | organic cyclic compound catabolic process | 126 | 3 | 0,53 | 0,01641 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G032977, GRMZM2G050234, GRMZM2G109070 |
| GO:0009063 | cellular amino acid catabolic process | 49 | 2 | 0,21 | 0,01835 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G124353, GRMZM2G381051 |
| GO:1901264 | carbohydrate derivative transport | 50 | 2 | 0,21 | 0,01906 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G011098, GRMZM2G366977 |
| GO:1901605 | alpha-amino acid metabolic process | 254 | 4 | 1,08 | 0,02275 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G072029, GRMZM2G124353, GRMZM2G375504, GRMZM2G381051 |
| GO:0009267 | cellular response to starvation | 67 | 2 | 0,28 | 0,03287 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G033644 |
| GO:0007154 | cell communication | 897 | 8 | 3,81 | 0,03537 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G013236, GRMZM2G033644, GRMZM2G057067, GRMZM2G127350, GRMZM2G151223, GRMZM2G366411, GRMZM2G441541 |
| GO:0010118 | stomatal movement | 70 | 2 | 0,3 | 0,03561 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G013236, GRMZM2G144782 |
| GO:0009620 | response to fungus | 172 | 3 | 0,73 | 0,03664 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G050234, GRMZM2G425798, GRMZM2G441541 |
| GO:0071705 | nitrogen compound transport | 173 | 3 | 0,73 | 0,03717 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G072029, GRMZM2G366977 |
| GO:0012501 | programmed cell death | 74 | 2 | 0,31 | 0,0394 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G032602, GRMZM2G441541 |
| GO:0042594 | response to starvation | 74 | 2 | 0,31 | 0,0394 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G033644 |
| GO:0015849 | organic acid transport | 79 | 2 | 0,34 | 0,04434 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G047299, GRMZM2G072029 |
| GO:0046942 | carboxylic acid transport | 79 | 2 | 0,34 | 0,04434 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G047299, GRMZM2G072029 |
| GO:0033554 | cellular response to stress | 468 | 5 | 1,99 | 0,04831 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G032602, GRMZM2G033644, GRMZM2G172230, GRMZM2G441541 |
| GO:0044699 | single-organism process | 7726 | 40 | 32,79 | 0,0486 | 1,00E+00 | P | AC202439.3_FG006, GRMZM2G011098, GRMZM2G013236, GRMZM2G014089, GRMZM2G015983, GRMZM2G031125, GRMZM2G032602, GRMZM2G033644, GRMZM2G047299, GRMZM2G047684, GRMZM2G050234, GRMZM2G057067, GRMZM2G066441, GRMZM2G069542, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G086430, GRMZM2G089713, GRMZM2G094375, GRMZM2G102683, GRMZM2G106622, GRMZM2G109070, GRMZM2G123309, GRMZM2G124353, GRMZM2G127350, GRMZM2G134597, GRMZM2G143883, GRMZM2G144420, GRMZM2G144782, GRMZM2G151223, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G321290, GRMZM2G324903, GRMZM2G352855, GRMZM2G366411, GRMZM2G366977, GRMZM2G375504, GRMZM2G381051, GRMZM2G441541 |
| GO:0016021 | integral component of membrane | 6569 | 35 | 24,6 | 0,0036 | 1,00E+00 | C | AC185254.4_FG002, AC202439.3_FG006, AC214771.3_FG003, GRMZM2G012465, GRMZM2G014089, GRMZM2G015983, GRMZM2G047299, GRMZM2G047684, GRMZM2G066441, GRMZM2G072029, GRMZM2G077187, GRMZM2G081192, GRMZM2G082191, GRMZM2G083797, GRMZM2G086430, GRMZM2G089713, GRMZM2G102683, GRMZM2G123309, GRMZM2G143703, GRMZM2G143883, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G177883, GRMZM2G179462, GRMZM2G302604, GRMZM2G324903, GRMZM2G366411, GRMZM2G366977, GRMZM2G438007, GRMZM2G441541, GRMZM2G449094, GRMZM2G542272, GRMZM5G800751, GRMZM5G820163, GRMZM6G474234 |

Tabla A-VI (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|---|------|----|-------|--------|----------|---|---|
| GO:0031224 | intrinsic component of membrane | 6602 | 35 | 24,72 | 0,004 | 1,00E+00 | C | AC185254.4_FG002, AC202439.3_FG006, AC214771.3_FG003, GRMZM2G012465, GRMZM2G014089, GRMZM2G015983, GRMZM2G047299, GRMZM2G047684, GRMZM2G066441, GRMZM2G072029, GRMZM2G077187, GRMZM2G081192, GRMZM2G082191, GRMZM2G083797, GRMZM2G086430, GRMZM2G089713, GRMZM2G102683, GRMZM2G123309, GRMZM2G143703, GRMZM2G143883, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G177883, GRMZM2G179462, GRMZM2G302604, GRMZM2G324903, GRMZM2G366411, GRMZM2G366977, GRMZM2G438007, GRMZM2G441541, GRMZM2G449094, GRMZM2G542272, GRMZM5G800751, GRMZM5G820163, GRMZM6G474234 |
| GO:0016020 | membrane | 8115 | 40 | 30,38 | 0,0058 | 1,00E+00 | C | AC185254.4_FG002, AC202439.3_FG006, AC214771.3_FG003, GRMZM2G012465, GRMZM2G013236, GRMZM2G014089, GRMZM2G015983, GRMZM2G032602, GRMZM2G047299, GRMZM2G047684, GRMZM2G066441, GRMZM2G072029, GRMZM2G077187, GRMZM2G081192, GRMZM2G082191, GRMZM2G083797, GRMZM2G086430, GRMZM2G089713, GRMZM2G102683, GRMZM2G113423, GRMZM2G123309, GRMZM2G124353, GRMZM2G143703, GRMZM2G143883, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G177883, GRMZM2G179462, GRMZM2G302604, GRMZM2G324903, GRMZM2G366411, GRMZM2G366977, GRMZM2G413652, GRMZM2G438007, GRMZM2G441541, GRMZM2G449094, GRMZM2G542272, GRMZM5G800751, GRMZM5G820163, GRMZM6G474234 |
| GO:0044425 | membrane part | 6895 | 35 | 25,82 | 0,0093 | 1,00E+00 | C | AC185254.4_FG002, AC202439.3_FG006, AC214771.3_FG003, GRMZM2G012465, GRMZM2G014089, GRMZM2G015983, GRMZM2G047299, GRMZM2G047684, GRMZM2G066441, GRMZM2G072029, GRMZM2G077187, GRMZM2G081192, GRMZM2G082191, GRMZM2G083797, GRMZM2G086430, GRMZM2G089713, GRMZM2G102683, GRMZM2G123309, GRMZM2G143703, GRMZM2G143883, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G177883, GRMZM2G179462, GRMZM2G302604, GRMZM2G324903, GRMZM2G366411, GRMZM2G366977, GRMZM2G438007, GRMZM2G441541, GRMZM2G449094, GRMZM2G542272, GRMZM5G800751, GRMZM5G820163, GRMZM6G474234 |
| GO:0016757 | transferase activity, transferring glycosyl groups | 652 | 9 | 2,77 | 0,0018 | 1,00E+00 | F | AC214771.3_FG003, GRMZM2G015983, GRMZM2G078465, GRMZM2G089713, GRMZM2G098892, GRMZM2G099740, GRMZM2G142709, GRMZM2G178209, GRMZM6G474234 |
| GO:0022892 | substrate-specific transporter activity | 704 | 9 | 2,99 | 0,003 | 1,00E+00 | F | AC202439.3_FG006, GRMZM2G011098, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G366977 |
| GO:0016758 | transferase activity, transferring hexosyl groups | 473 | 7 | 2,01 | 0,004 | 1,00E+00 | F | AC214771.3_FG003, GRMZM2G015983, GRMZM2G078465, GRMZM2G089713, GRMZM2G098892, GRMZM2G099740, GRMZM2G178209 |
| GO:0022891 | substrate-specific transmembrane transporter activity | 636 | 8 | 2,71 | 0,0056 | 1,00E+00 | F | AC202439.3_FG006, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G366977 |
| GO:0022857 | transmembrane transporter activity | 801 | 9 | 3,41 | 0,0069 | 1,00E+00 | F | AC202439.3_FG006, GRMZM2G014089, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G366977 |
| GO:0005506 | iron ion binding | 415 | 6 | 1,77 | 0,0085 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G031125, GRMZM2G047684, GRMZM2G050234, GRMZM2G066441, GRMZM2G123309, GRMZM2G134597 |
| GO:0004497 | monooxygenase activity | 298 | 5 | 1,27 | 0,0089 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G031125, GRMZM2G047684, GRMZM2G066441, GRMZM2G123309, GRMZM2G134597 |
| GO:0005215 | transporter activity | 1047 | 10 | 4,45 | 0,0132 | 1,00E+00 | F | AC202439.3_FG006, GRMZM2G011098, GRMZM2G014089, GRMZM2G072029, GRMZM2G081192, GRMZM2G102683, GRMZM2G144420, GRMZM2G160430, GRMZM2G302604, GRMZM2G366977 |
| GO:0008483 | transaminase activity | 46 | 2 | 0,2 | 0,0164 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G124353, GRMZM2G127350 |

Tabla A-VI (Continuación)

| GO:0016769 | transferase activity, transferring nitrogenous groups | 46 | 2 | 0,2 | 0,0164 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G124353, GRMZM2G127350 |
|---------------------------------|---|-----------|-------|----------|---------|----------|--------|---|
| GO:1901505 | carbohydrate derivative transporter activity | 49 | 2 | 0,21 | 0,0185 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G011098, GRMZM2G366977 |
| GO:0016705 | oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen | 392 | 5 | 1,67 | 0,0259 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G031125, GRMZM2G047684, GRMZM2G066441, GRMZM2G123309, GRMZM2G134597 |
| GO:0016740 | transferase activity | 3837 | 24 | 16,32 | 0,0274 | 1,00E+00 | F | AC214771.3_FG003, GRMZM2G013236, GRMZM2G015983, GRMZM2G025190, GRMZM2G033644, GRMZM2G078465, GRMZM2G082191, GRMZM2G089713, GRMZM2G098892, GRMZM2G099740, GRMZM2G124353, GRMZM2G127350, GRMZM2G142709, GRMZM2G151223, GRMZM2G160506, GRMZM2G177883, GRMZM2G178209, GRMZM2G352855, GRMZM2G365282, GRMZM2G366411, GRMZM2G375504, GRMZM2G438007, GRMZM5G820163, GRMZM6G474234 |
| GO:0003824 | catalytic activity | 9657 | 50 | 41,08 | 0,0317 | 1,00E+00 | F | AC214771.3_FG003, GRMZM2G003789, GRMZM2G012465, GRMZM2G013236, GRMZM2G014089, GRMZM2G015983, GRMZM2G025190, GRMZM2G031125, GRMZM2G032977, GRMZM2G033644, GRMZM2G038821, GRMZM2G047684, GRMZM2G050234, GRMZM2G055883, GRMZM2G066441, GRMZM2G069542, GRMZM2G078465, GRMZM2G082191, GRMZM2G089713, GRMZM2G094375, GRMZM2G098892, GRMZM2G099740, GRMZM2G104999, GRMZM2G109070, GRMZM2G111579, GRMZM2G123309, GRMZM2G124353, GRMZM2G127350, GRMZM2G134597, GRMZM2G142709, GRMZM2G143883, GRMZM2G144420, GRMZM2G151223, GRMZM2G160506, GRMZM2G175927, GRMZM2G177883, GRMZM2G178209, GRMZM2G321290, GRMZM2G352855, GRMZM2G365282, GRMZM2G366411, GRMZM2G375504, GRMZM2G381051, GRMZM2G413652, GRMZM2G438007, GRMZM2G441541, GRMZM5G800751, GRMZM5G805609, GRMZM5G820163, GRMZM6G474234 |
| GO:0046914 | transition metal ion binding | 2016 | 14 | 8,58 | 0,0444 | 1,00E+00 | F | AC177897.2_FG002, GRMZM2G006973, GRMZM2G031125, GRMZM2G033644, GRMZM2G047684, GRMZM2G050234, GRMZM2G066441, GRMZM2G094375, GRMZM2G123309, GRMZM2G124353, GRMZM2G134597, GRMZM2G144782, GRMZM2G355846, GRMZM2G413652 |
| GO:0016831 | carboxy-lyase activity | 83 | 2 | 0,35 | 0,0487 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G038821, GRMZM2G069542 |
| 60 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0055085 | transmembrane transport | 994 | 10 | 3,26 | 0,0013 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G043254, GRMZM2G062156, GRMZM2G085236, GRMZM2G112456, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907, GRMZM2G370510, GRMZM2G420988 |
| GO:0016998 | cell wall macromolecule catabolic process | 20 | 2 | 0,07 | 0,0019 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0010466 | negative regulation of peptidase activity | 77 | 3 | 0,25 | 0,002 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0010951 | negative regulation of endopeptidase activity | 77 | 3 | 0,25 | 0,002 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0052547 | regulation of peptidase activity | 77 | 3 | 0,25 | 0,002 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0052548 | regulation of endopeptidase activity | 77 | 3 | 0,25 | 0,002 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0051346 | negative regulation of hydrolase activity | 82 | 3 | 0,27 | 0,0025 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0006026 | aminoglycan catabolic process | 23 | 2 | 0,08 | 0,0026 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0006030 | chitin metabolic process | 23 | 2 | 0,08 | 0,0026 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0006032 | chitin catabolic process | 23 | 2 | 0,08 | 0,0026 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0010229 | inflorescence development | 23 | 2 | 0,08 | 0,0026 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051338, GRMZM2G325612 |
| GO:0046348 | amino sugar catabolic process | 23 | 2 | 0,08 | 0,0026 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:1901072 | glucosamine-containing compound catabolic process | 23 | 2 | 0,08 | 0,0026 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0045861 | negative regulation of proteolysis | 86 | 3 | 0,28 | 0,0028 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:1901071 | glucosamine-containing compound metabolic process | 25 | 2 | 0,08 | 0,003 | 9,54E-01 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |

Tabla A-VI (Continuación)

| | | | | | | | | |
|------------|---|------|----|-------|---------|----------|---|--|
| GO:0030162 | regulation of proteolysis | 92 | 3 | 0,3 | 0,0034 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0006022 | aminoglycan metabolic process | 29 | 2 | 0,1 | 0,004 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0006040 | amino sugar metabolic process | 32 | 2 | 0,1 | 0,0049 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:1901136 | carbohydrate derivative catabolic process | 38 | 2 | 0,12 | 0,0069 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0032269 | negative regulation of cellular protein metabolic process | 129 | 3 | 0,42 | 0,0087 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0051248 | negative regulation of protein metabolic process | 130 | 3 | 0,43 | 0,0089 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0051336 | regulation of hydrolase activity | 177 | 3 | 0,58 | 0,0202 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0080167 | response to karrikin | 69 | 2 | 0,23 | 0,0215 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G010468, GRMZM2G141081 |
| GO:0043086 | negative regulation of catalytic activity | 189 | 3 | 0,62 | 0,024 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0044092 | negative regulation of molecular function | 200 | 3 | 0,66 | 0,0278 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0098656 | anion transmembrane transport | 90 | 2 | 0,3 | 0,0352 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G136508, GRMZM2G342907 |
| GO:0044765 | single-organism transport | 1622 | 10 | 5,32 | 0,0357 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G043254, GRMZM2G062156, GRMZM2G085236, GRMZM2G112456, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907, GRMZM2G370510, GRMZM2G420988 |
| GO:1902578 | single-organism localization | 1650 | 10 | 5,41 | 0,0395 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G043254, GRMZM2G062156, GRMZM2G085236, GRMZM2G112456, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907, GRMZM2G370510, GRMZM2G420988 |
| GO:0044036 | cell wall macromolecule metabolic process | 99 | 2 | 0,32 | 0,0418 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0055114 | oxidation-reduction process | 1936 | 11 | 6,35 | 0,0463 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G010468, GRMZM2G052266, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G080839, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720, GRMZM2G159587, GRMZM2G178533, GRMZM2G325612, GRMZM2G415579 |
| GO:0010817 | regulation of hormone levels | 107 | 2 | 0,35 | 0,0481 | 1,00E+00 | P | GRMZM2G141081, GRMZM2G325612 |
| GO:0005777 | peroxisome | 129 | 2 | 0,29 | 0,0338 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G056369, GRMZM2G157113 |
| GO:0042579 | microbody | 129 | 2 | 0,29 | 0,0338 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G056369, GRMZM2G157113 |
| GO:0016021 | integral component of membrane | 6569 | 20 | 14,76 | 0,0486 | 1,00E+00 | C | GRMZM2G002396, GRMZM2G043254, GRMZM2G062156, GRMZM2G075244, GRMZM2G085236, GRMZM2G094510, GRMZM2G112456, GRMZM2G113800, GRMZM2G122431, GRMZM2G127328, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G181135, GRMZM2G342907, GRMZM2G370510, GRMZM2G383920, GRMZM2G416817, GRMZM2G420988, GRMZM2G426917 |
| GO:0008061 | chitin binding | 13 | 2 | 0,03 | 0,00047 | 4,18E-01 | F | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0004867 | serine-type endopeptidase inhibitor activity | 62 | 3 | 0,16 | 0,00051 | 4,18E-01 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0004866 | endopeptidase inhibitor activity | 79 | 3 | 0,2 | 0,00103 | 4,18E-01 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0061135 | endopeptidase regulator activity | 79 | 3 | 0,2 | 0,00103 | 4,18E-01 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0030414 | peptidase inhibitor activity | 80 | 3 | 0,2 | 0,00107 | 4,18E-01 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0061134 | peptidase regulator activity | 80 | 3 | 0,2 | 0,00107 | 4,18E-01 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0003824 | catalytic activity | 9657 | 35 | 24,25 | 0,0015 | 4,42E-01 | F | AC212835.3_FG008, AC214360.3_FG001, AC234185.1_FG004, GRMZM2G004856, GRMZM2G010468, GRMZM2G032856, GRMZM2G047139, GRMZM2G050450, GRMZM2G051943, GRMZM2G052266, GRMZM2G053338, GRMZM2G056369, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G075315, GRMZM2G080839, GRMZM2G085236, GRMZM2G122431, GRMZM2G122654, GRMZM2G129189, GRMZM2G133720, GRMZM2G151921, GRMZM2G156877, GRMZM2G157113, GRMZM2G159587, GRMZM2G162359, GRMZM2G178533, GRMZM2G181135, GRMZM2G312521, GRMZM2G325612, GRMZM2G358153, GRMZM2G377780, GRMZM2G415579, GRMZM2G416817, GRMZM2G426917 |
| GO:0004568 | chitinase activity | 23 | 2 | 0,06 | 0,00151 | 4,42E-01 | F | GRMZM2G051943, GRMZM2G129189 |
| GO:0016705 | oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen | 392 | 5 | 0,98 | 0,00294 | 5,74E-01 | F | GRMZM2G010468, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720 |
| GO:0016645 | oxidoreductase activity, acting on the CH-NH group of donors | 35 | 2 | 0,09 | 0,00349 | 6,29E-01 | F | GRMZM2G052266, GRMZM2G325612 |

Tabla A-VI (Continuación)

| GO:0005506 | iron ion binding | 415 | 5 | 1,04 | 0,00376 | 6,29E-01 | F | GRMZM2G010468, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720 |
|---------------------------------|--|-----------|-------|----------|----------|----------|--------|---|
| GO:0016491 | oxidoreductase activity | 1790 | 11 | 4,49 | 0,00415 | 6,48E-01 | F | GRMZM2G010468, GRMZM2G052266, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G080839, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720, GRMZM2G159587, GRMZM2G178533, GRMZM2G325612, GRMZM2G415579 |
| GO:0004553 | hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds | 449 | 5 | 1,13 | 0,00523 | 7,08E-01 | F | GRMZM2G004856, GRMZM2G051943, GRMZM2G129189, GRMZM2G162359, GRMZM2G358153 |
| GO:0008509 | anion transmembrane transporter activity | 142 | 3 | 0,36 | 0,00544 | 7,08E-01 | F | GRMZM2G136508, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907 |
| GO:0004497 | monooxygenase activity | 298 | 4 | 0,75 | 0,00658 | 7,59E-01 | F | GRMZM2G010468, GRMZM2G075244, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720 |
| GO:0016798 | hydrolase activity, acting on glycosyl bonds | 498 | 5 | 1,25 | 0,00804 | 7,59E-01 | F | GRMZM2G004856, GRMZM2G051943, GRMZM2G129189, GRMZM2G162359, GRMZM2G358153 |
| GO:0005342 | organic acid transmembrane transporter activity | 55 | 2 | 0,14 | 0,00843 | 7,59E-01 | F | GRMZM2G136508, GRMZM2G176430 |
| GO:0046943 | carboxylic acid transmembrane transporter activity | 55 | 2 | 0,14 | 0,00843 | 7,59E-01 | F | GRMZM2G136508, GRMZM2G176430 |
| GO:0020037 | heme binding | 521 | 5 | 1,31 | 0,00966 | 8,37E-01 | F | GRMZM2G010468, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720 |
| GO:0004857 | enzyme inhibitor activity | 184 | 3 | 0,46 | 0,01106 | 8,93E-01 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0046906 | tetrapyrrole binding | 557 | 5 | 1,4 | 0,01263 | 9,54E-01 | F | GRMZM2G010468, GRMZM2G067225, GRMZM2G075244, GRMZM2G122654, GRMZM2G133720 |
| GO:0016879 | ligase activity, forming carbon-nitrogen bonds | 73 | 2 | 0,18 | 0,01449 | 1,00E+00 | F | AC234185.1_FG004, GRMZM2G053338 |
| GO:0022857 | transmembrane transporter activity | 801 | 6 | 2,01 | 0,01461 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G062156, GRMZM2G085236, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907 |
| GO:0005215 | transporter activity | 1047 | 7 | 2,63 | 0,01502 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G062156, GRMZM2G085236, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907, GRMZM2G420988 |
| GO:0008514 | organic anion transmembrane transporter activity | 78 | 2 | 0,2 | 0,01643 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G136508, GRMZM2G176430 |
| GO:0016614 | oxidoreductase activity, acting on CH-OH group of donors | 214 | 3 | 0,54 | 0,01655 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G080839, GRMZM2G159587, GRMZM2G325612 |
| GO:0022891 | substrate-specific transmembrane transporter activity | 636 | 5 | 1,6 | 0,02121 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G062156, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907 |
| GO:0022892 | substrate-specific transporter activity | 704 | 5 | 1,77 | 0,03111 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G062156, GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907 |
| GO:0030234 | enzyme regulator activity | 297 | 3 | 0,75 | 0,03847 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| GO:0015075 | ion transmembrane transporter activity | 525 | 4 | 1,32 | 0,04239 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G136508, GRMZM2G141081, GRMZM2G176430, GRMZM2G342907 |
| GO:0022804 | active transmembrane transporter activity | 320 | 3 | 0,8 | 0,04628 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G085236, GRMZM2G141081, GRMZM2G342907 |
| GO:0098772 | molecular function regulator | 325 | 3 | 0,82 | 0,04808 | 1,00E+00 | F | GRMZM2G075315, GRMZM2G108847, GRMZM2G116520 |
| 75 Days before senescence (DBS) | | | | | | | | |
| GO ID | Term | Annotated | Count | Expected | p-value | q-value | Aspect | AGPv3 name genes |
| GO:0031177 | phosphopantetheine_binding | 60 | 1 | | 4,61E-03 | | F | GRMZM2G179885 |
| GO:0042309 | homiothermy | 1403 | 1 | | 0,1025 | | P | GRMZM2G179885 |
| GO:0045449 | regulation_of_transcription,_DNA-dependent_alternative | 846 | 1 | | 0,0627 | | P | GRMZM2G179885 |
| GO:0050826 | response_to_freezing | 1403 | 1 | | 0,1025 | | P | GRMZM2G179885 |
| GO:0050825 | ice_binding | 1403 | 1 | | 0,1025 | | F | GRMZM2G179885 |
| GO:0005515 | protein_binding | 2087 | 1 | | 0,1498 | | F | GRMZM2G027120 |

1/ P = Biological process
F = Molecular function
P = Cellular component